

JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE
OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICAS
E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Tese 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
2003

JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE
OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICAS
E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Tese 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: 10 de julho de 2003.

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Conselheiro)

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Conselheiro)

Profa. Carmen Silva Pereira

Prof. Marcelo Teixeira Rodrigues

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

Aos meus pais José Marciano e Laurita, por minha
fomação, pelo apoio, incentivo e pela compreensão.
Às minhas irmãs Socorro e Ana Célia, pelo incentivo
e pelo carinho.

AGRADECIMENTO

A Deus, nosso pai supremo, que tem me dado tantas coisas boas, minha vida, minha família, meus amigos, minhas realizações acadêmicas...

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização do curso.

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

À Empresa Estadual de Pesquisa Agroecúaria da Paraíba – EMEPA – PB, pela cessão dos dados essenciais à realização deste estudo.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos, pela orientação, pela amizade, pela confiança e pelo apoio ao longo desses anos de convivência, minha admiração e gratidão.

À professora Carmen Silva Pereira, pelos valiosos ensinamentos, pela amizade, pelos conselhos, pelo profissionalismo, pela disposição e colaboração na realização deste trabalho, minha profunda admiração e meu muito obrigado.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela amizade, pelo aconselhamento, pelo incentivo e pela confiança.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pelo aconselhamento, pelo incentivo, pela amizade e pelo apoio.

Ao pesquisador da EMEPA, Wandrick Hauss de Sousa, pela amizade, pelo incentivo, pela colaboração e pelo apoio para a realização do curso e deste estudo.

À professora Lucia Galvão de Albuquerque, pela atenção, pela disposição e pela colaboração na realização deste trabalho.

Aos professores Edgard Pimenta e Maria Norma Ribeiro, pela amizade, pelos ensinamentos e pelo incentivo ao longo da graduação, que foram essenciais à realização deste curso.

À minha Família, que é o centro do meu universo, a minha inspiração e razão de viver.

Aos amigos do curso de pós-graduação, Fernanda, Rodolpho, Leandro, Cláudio, Jaime, Marcelo, Ricardo, Policarpo, Urbano, Vicente, Aldrin, Guilherme, Gustavo, Raquel, Elizangela, Kecya, Adriana e Peloso, pela amizade, pelos trabalhos que realizamos, pelo incentivo e pelo agradável convívio ao longo dos dias que passei nesta instituição.

Aos amigos Alexandre, Ana Paula, Márcia, Pollianna, Kênia, Robson, Ueliton, Nilza, Roseilton, Lidjane, Ítalo, João, Gelson, Célio e Ronaldo, pela amizade, pelo incentivo, pelo convívio e por todos os momentos que compartilhamos no decorrer desses dois anos.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para que este trabalho fosse concretizado.

BIOGRAFIA

JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO, filho de José Mendes Sarmiento e Laurita Rocha Sarmiento, nasceu em 11 de maio de 1976, em Sousa, Estado da Paraíba.

Em fevereiro de 1991, iniciou o curso Técnico em Agropecuária na Escola Agrotécnica Federal de Sousa, em Sousa – PB, concluindo-o em dezembro de 1993.

Em junho de 1996, iniciou o curso de Zootecnia, pelo Departamento de Zootecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Paraíba, em Areia – PB, onde foi bolsista de iniciação científica por alguns anos, acompanhando e desenvolvendo pesquisas na área de Melhoramento Genético Animal.

Em maio de 2001, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal da Paraíba.

Em agosto de 2001, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia, na área de Melhoramento Genético Animal, na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

Em 10 de julho de 2003, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

ÍNDICE

Página

RESUMO	vii
ABSTRACT.....	ix
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
REVISÃO DE LITERATURA	3
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	11
CAPÍTULO 1	15
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS UNI E MULTICARACTERÍSTICAS	15
INTRODUÇÃO	17
MATERIAL E MÉTODOS	19
RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
CONCLUSÕES	37
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	38
CAPÍTULO 2	40
AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA.....	40
INTRODUÇÃO	42
MATERIAL E MÉTODOS	44
RESULTADOS E DISCUSSÃO	52
CONCLUSÕES	62
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	63
RESUMO E CONCLUSÕES.....	66

RESUMO

SARMENTO, José Lindenberg Rocha, M.S., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2003. **Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Conselheiros: Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides

Utilizaram-se registros de pesos do nascimento aos 196 dias de idade de 927 cordeiros filhos de 45 reprodutores e 323 matrizes de ovinos da raça Santa Inês, controlados de 1983 a 2000, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB), com os objetivos de estimar parâmetros genéticos para os efeitos aditivos direto e materno e prever os valores genéticos dos animais, por meio de análises bicaracterísticas e regressão aleatória, para pesos em diferentes idades. Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos direto e materno para os pesos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, sob modelo animal, por intermédio de análises unicaracterísticas, para testar três modelos de análises, com o intuito de determinar o mais apropriado para descrever as características estudadas, o qual foi utilizado nas análises bicaracterísticas e de regressão aleatória. O modelo bicaracterística foi ajustado utilizando-se o aplicativo MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995) e regressão aleatória, por meio de polinômios de Legendre quadráticos e cúbicos, do programa DXMRR (MEYER, 1998). De acordo com o teste de razão de verossimilhança, o modelo que incluiu o efeito aditivo mais o materno foi o que apresentou maior valor para o logaritmo da função de verossimilhança em todas as características estudadas, sendo, portanto, o escolhido. A não-inclusão do efeito materno no modelo de análise resultou em superestimação das herdabilidades para o efeito direto. A importância do efeito materno diminuiu ao longo da trajetória de

crescimento, à medida que a idade dos cordeiros aumentava. As herdabilidades estimadas nas análises bicaracterísticas para o efeito genético direto foram superiores às obtidas pelas análises unicaracterísticas e tenderam a decrescer do nascimento aos 196 dias de idade, variando de 0,23 a 0,03. Já as estimadas por meio dos modelos de regressão aleatória aumentaram do nascimento aos 196 dias de idade (0,004 a 0,28), com tendência de serem mais baixas nas idades em que as estimativas do efeito materno foram mais altas. As herdabilidades para o efeito materno, obtidas por ambos os modelos, aumentaram do nascimento aos 56 dias e, então, decresceram com a idade, tendendo a apresentar o mesmo comportamento, porém as estimadas pelos modelos de regressão aleatória foram de menor magnitude. As correlações genéticas estimadas por ambos os modelos tenderam a ser altas e positivas. As correlações de Spearman e de Pearson entre os valores genéticos preditos pelos dois modelos foram baixas. As herdabilidades estimadas por meio das análises bicaracterísticas sugerem que este método permite obter estimativas mais acuradas, comparadas às obtidas nas análises unicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas obtidas pelo modelo de regressão aleatória foram biologicamente mais coerentes quando comparadas àquelas obtidas pelo modelo bicaracterística. Entretanto, estudos adicionais envolvendo maior número de informações devem ser realizados, como também usando dados simulados, com o objetivo de avaliar com mais precisão os resultados obtidos por ambos os modelos.

ABSTRACT

SARMENTO, José Lindenberg Rocha, M.S., Universidade Federal de Viçosa, July 2003. **Genetic evaluation of growth trait of Santa Ines sheep using multiple-trait and random regression models.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Committee members: Paulo Sávio Lopes and Ricardo Frederico Euclides.

Records of body weights from birth to 196 days of age of 927 lambs progeny of 45 sires and 323 dams of Santa Ines sheep, controlled from 1983 to 2000, extracted from a database of Agricultural Research Corporation of Paraíba, were used to estimate genetic parameters for the additive direct and maternal effects and to predict breeding values by two-trait and random regression analyses for weights in different ages. The (co)variance components and both direct and maternal genetic parameters were estimated by using restricted maximum likelihood methods, under animal model, by means of single-trait analyses, to test three analyses models, to establish the most appropriated to describe the studied traits, which was used in two-trait and random regression analyses. The two-traits model was fitting by using MTDFREML system (BOLDMAN et al., 1995) and the random regression by means of orthogonal Legendre polynomials, using DXMRR program (MEYER, 1998). According to the likelihood ratio test, the model that included additive direct effect and the maternal was the one that showed higher value for ln likelihood for all the studied trait. The not inclusion of maternal effect in analyses model overestimated the heritability for direct effect. The importance of maternal effect decreased along the growth trajectory, while the age of the lambs increased. The heritability estimates in two-trait analyses for genetic direct effect were higher than those obtained by single-trait analyses and tended to decrease from birth to 196 days of age, ranging from 0.23 to 0.03. However, these estimated by means of the random regression models increased from

birth to 196 days of age (0.004 to 0.28), tending to be lower at ages where the estimates of the maternal effects were higher. The heritability for the maternal effect obtained by both models, increased from birth to 56 days and, after, decreased with the age, tending to show the same behavior, however these estimated by random regression models were of smaller greatness. The genetic correlations estimated for both models tended to be high and positive. The Spearman and Pearson correlations among the breeding values obtained both by the models were low. The heritability estimated by means of the two-trait analyses suggest that technique allows to obtain more accurated estimates, compared to the obtained by single-trait analyses. The estimates of heritability and genetic correlations obtained by means of random regression model were biologically more consistent when compared those obtained by two-trait model. However, additional studies involving larger number of information should be accomplished, as well using simulated data, with purpose of evaluation with more accuracy the results obtained by both models.

Introdução geral

A ovinocultura do Brasil, atualmente, apresenta um quadro de mudança e completa reestruturação da cadeia produtiva. O mercado de carne, no momento, é de franca expansão, devido, principalmente, ao aumento na quantidade de consumidores, como também à adesão de criadores dotados de maior visão empresarial. Entretanto, sabe-se que a produção atual é insuficiente para atender a demanda.

A produção com eficiência e a geração de um produto de qualidade requerem do criador investimentos na melhoria do potencial genético dos animais para produção de carne, associados a tecnologias modernas, como práticas de manejo, reprodução, alimentação e sanidade.

A melhoria do potencial genético pode ser alcançada por meio de avaliações genéticas para características relacionadas com o crescimento e posterior seleção dos animais geneticamente superiores. A avaliação genética depende da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos acurados para as características de maior interesse. A acurácia da estimativa desses parâmetros depende de um conjunto de fatores, destacando-se o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e o método de estimação dos componentes de (co)variância.

Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos de corte são pouco encontradas na literatura, principalmente para ovinos deslanados. Quando se refere a estimativas separando os efeitos genéticos aditivos direto e materno, elas ocorrem ainda em menor número. As estimativas encontradas são, normalmente, obtidas a partir de pequenos conjuntos de dados e referentes a pesos em determinadas idades, como do nascimento aos seis meses de idade. Trabalhos mais recentes têm utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita sob modelo animal, por meio de análises uni ou multicaracterísticas, como os trabalhos realizados por SOUSA et al. (1999), NESER et al. (2001) e BOUJENANE e KANSARI (2002).

Recentemente, os modelos de regressão aleatória têm sido propostos como uma alternativa para modelar características que são medidas várias vezes na vida do animal. Comparado aos modelos multicaracterísticas, que fornecem previsões para determinados pontos ou idades, os modelos de

regressão aleatória permitem a estimação de parâmetros genéticos e a predição dos valores genéticos para qualquer ponto da curva de crescimento.

Os modelos de regressão aleatória têm sido reconhecidos como ideais para análise de dados longitudinais no melhoramento animal e utilizados para modelar várias características em algumas espécies de animais domésticos, como bovinos de leite (JAMROZIK et al., 1997; VAN der WERF et al., 1998; COSTA et al., 2002), bovinos de corte (MEYER, 1999, 2000; SAKAGUTI, 2000; ALBUQUERQUE e MEYER, 2001; NOBRE et al., 2002), crescimento de suínos (HUISMAN et al., 2002), caprinos de leite (OLIVEIRA et al., 2000; SARMENTO et al., 2003) e ovinos de corte (LEWIS e BROTHERSTONE, 2002).

Os objetivos do presente trabalho foram estimar os componentes de variância genéticos direto e materno e predizer os valores genéticos para pesos de ovinos Santa Inês aplicando modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória, por meio de polinômios ortogonais de Legendre, bem como comparar os resultados encontrados com os modelos de regressão aleatória aos obtidos com um modelo multicaracterística, de modo que fosse averiguada a aplicabilidade dos modelos de regressão aleatória.

Revisão de literatura

A criação de ovinos vem sendo, cada vez mais, praticada entre os produtores, principalmente pela crescente demanda de carne. No entanto, sabe-se que a produção de carne atual é insuficiente para atender a demanda. Em 1999 houve um déficit de 20.000 toneladas de carne ovina e caprina no País (Alimentação Animal, 2000). As importações realizadas pelo Brasil em 1998 foram da ordem de 6.679 toneladas de carne ovina. Dados da FAO (2000) mostram que no ano de 2000 o Brasil importou 8.519 toneladas de carne, havendo, então, aumento de 27,5% nas importações. Esses dados indicam, de maneira expressiva, a necessidade de aumentar a produção para atender a demanda interna desse produto, bem como de contribuir significativamente para a exportação e o abastecimento do mercado externo, que é bastante promissor.

Atualmente com 15.000.000 de cabeças, representando 1,71% do rebanho mundial (IBGE, 2000), distribuídos nas regiões Nordeste (51,8%), Sul (37,1%), Sudeste (4,7%), Centro-Oeste (2,8%) e Norte (2,4%), o Brasil produz em torno de 71.400 toneladas de carne, o que lhe confere o décimo terceiro lugar entre os produtores mundiais de carne ovina.

Considerando uma carcaça de 15 kg e uma taxa de desfrute de 30%, seriam necessárias 1.893.110 cabeças de ovelhas para suprir o déficit desse produto, representando a necessidade de crescimento da ordem de 15 a 20%. Diante da atual situação da ovinocultura no País, em que a oferta está muito aquém do potencial de produção de carne, que permanece em estado latente, o que resta a fazer é incentivar a produção de ovinos, em face do enorme potencial, aumentando, cada vez mais, a importância socioeconômica dessa atividade.

As raças de ovinos deslanados têm desempenhado importante papel na maximização da eficiência dos sistemas de produção de carne no Brasil. Dentre elas, a raça deslanada nacional Santa Inês vem apresentando grande crescimento populacional nos últimos anos, principalmente no Nordeste; com isso, começou a despertar interesse de criadores de outros estados, como Sudeste e Centro-Oeste (MORAIS, 2000). A raça Santa Inês teve origem a partir do cruzamento da raça italiana Bergamácia com ovelhas crioulas e

Morada Nova, seguido de um período de seleção e/ou evolução para ausência de lâ (SOUSA et al., 2000). É uma raça de grande porte, com alto potencial para crescimento; segundo FIGUEIREDO et al. (1982), dentre as raças de ovinos deslanados, é a que apresenta maior taxa de crescimento.

O sucesso ou insucesso de qualquer sistema de produção tem sua origem no planejamento da criação, como organização do processo de comercialização, alimentação, sanidade, reprodução, escolha do material genético a ser utilizado e, sem dúvida, realização de avaliações genéticas para posterior seleção, pois ovinos melhorados nas condições brasileiras teriam melhores condições de incrementar seu desempenho, já que seriam selecionados no ambiente de criação específico, eliminando o possível efeito da interação genótipo-ambiente.

A avaliação genética depende das estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) para as características que se deseja selecionar, as quais são influenciadas por um conjunto de fatores, destacando-se o modelo e método de estimação de componentes de (co)variância. Nos últimos anos tem aumentado o número de trabalhos publicados relacionados à estimação desses parâmetros para características de crescimento em ovinos de corte. Trabalhos mais recentes que objetivaram estudar essas características empregaram a teoria de modelos mistos sob modelo animal unicaracterística (SOUSA et al., 1999; AL-SHOREPY, 2001; DUGUMA et al., 2002) ou multicaracterística (NOTTER, 1998; SOUSA et al., 1999; EL FADILI et al., 2000; NESER et al., 2001; BOUJENANE e KANSARI, 2002). Entretanto, a literatura ainda é escassa no que diz respeito a estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos deslanados. Observa-se, na Tabela 1, que a maioria deles foi obtida a partir de conjuntos de dados com número reduzido de informações, por meio de diferentes métodos e referentes a poucos rebanhos, representando um percentual pequeno da população de ovinos deslanados criados no Brasil. Dessa forma, novos estudos, envolvendo maior número de informações, devem ser conduzidos para obtenção desses parâmetros com maior acurácia.

Nos mamíferos, as mães exercem efeito maior que os pais sobre o fenótipo dos descendentes, pois, além da contribuição genética, elas podem influenciar a progênie por meio do ambiente que lhe proporcionam. Assim, as

características de crescimento, principalmente até o desmame, são determinadas por dois genótipos: o do próprio animal (efeito genético direto) e o de sua mãe (efeito genético materno). Dessa forma, esses dois efeitos se confundem. Segundo SOUSA et al. (1999), para aumentar o ganho genético em programas de seleção de características influenciadas pelo efeito materno, faz-se necessário obter mais informações sobre esse efeito. Se os efeitos genéticos maternos são importantes, mas não são considerados nos modelos, as herdabilidades podem ser superestimadas e, com isso, reduzir a eficiência de seleção. Os estudos que consideram os efeitos maternos para estimação dos efeitos aditivos diretos são, ainda, em menor número (Tabela 1).

Tabela 1 – Estimativas de herdabilidade direta (h^2_a) e materna (h^2_m) de algumas características de crescimento e o número de observações (N) para algumas raças de ovinos deslanados

Características	h^2_a	h^2_m	Raça	N	Autores
Peso ao nascer	0,04	-	Morada Nova	226	LÓBO et al. (2001) ¹
Peso ao nascer	0,15	0,22	Morada Nova	1.312	QUESADA et al. (2002) ³
Peso aos 30 dias	0,11	0,14	Morada Nova	1.312	QUESADA et al. (2002) ³
Peso aos 120 dias	0,07	0,10	Morada Nova	1.312	QUESADA et al. (2002) ³
Peso aos 210 dias	0,21	0,09	Morada Nova	1.312	QUESADA et al. (2002) ³
Peso ao nascer	0,27	-	Santa Inês	605	SILVA et al. (1996) ¹
Peso aos 56 dias	0,22	-	Santa Inês	605	SILVA et al. (1996) ¹
Peso aos 112 dias	0,29	-	Santa Inês	605	SILVA et al. (1996) ¹
Peso ao nascer	0,37	-	Santa Inês	3.846	SOUSA et al. (1999) ²
Peso aos 112 dias	0,37	-	Santa Inês	3.846	SOUSA et al. (1999) ²
Peso aos 196 dias	0,31	-	Santa Inês	3.846	SOUSA et al. (1999) ²
Peso ao nascer	0,12	0,11	Santa Inês	3.846	SOUSA et al. (1999) ³
Peso aos 112 dias	0,03	0,10	Santa Inês	3.846	SOUSA et al. (1999) ³
Peso aos 196 dias	0,07	0,08	Santa Inês	3.846	SOUSA et al. (1999) ³
Peso ao nascer	0,48	-	Santa Inês x Crioulos	1.474	SILVA e ARAÚJO (2000) ¹
Peso aos 56 dias	0,36	-	Santa Inês x Crioulos	1.474	SILVA e ARAÚJO (2000) ¹
Peso aos 112 dias	0,53	-	Santa Inês x Crioulos	1.474	SILVA e ARAÚJO (2000) ¹
Peso ao nascer	0,30	-	Somalis Bras.	488	SILVA et al. (1994) ¹
Peso aos 56 dias	0,21	-	Somalis Bras.	488	SILVA et al. (1994) ¹
Peso aos 112 dias	0,25	-	Somalis Bras.	488	SILVA et al. (1994) ¹

¹ Correlação intraclasse entre meio-irmãos paternos; ² Modelo animal com efeito aditivo; ³ Modelo animal com os efeitos genéticos direto e materno e de ambiente permanente materno.

Programas de avaliação genética de ovinos de corte deslanados no Brasil são raros; entretanto, a seleção para características de crescimento tem sido, de certa forma, praticada com base em pesagens realizadas, normalmente, a intervalos de 28 dias, sendo os pesos, em diferentes idades, utilizados como critério de seleção, embora eles sejam medidos no início da vida do animal, como do nascimento aos 6 meses de idade, aproximadamente.

Essa estrutura de dados caracteriza as chamadas medidas repetidas, que nos últimos anos têm recebido atenção especial por parte dos pesquisadores em melhoramento animal. A covariância entre essas medidas é bem estruturada e, de acordo com VAN der WERF e SCHAEFFER (1997), para que se possa estudar esse tipo de dados, é necessário modelar esta estrutura de covariâncias. No caso de medidas feitas ao longo da curva de crescimento, normalmente a correlação entre estas tende a diminuir quando o intervalo de dias entre elas aumenta.

As análises de pesos medidos várias vezes ao longo da trajetória de crescimento podem ser conduzidas de várias maneiras. Uma delas seria considerar que os pesos em diferentes idades são medidas repetidas de uma característica, como nos modelos de repetibilidade. No entanto, nesse modelo pressupõe-se que as variâncias genéticas e não-genéticas entre as diferentes medidas sejam as mesmas, ou seja, não variam ao longo do tempo, o que pode não ser o mais adequado (SAKAGUTI, 2000; COBUCI, 2002).

Por outro lado, ao adotar os modelos multicaracterísticas, assume-se que cada peso medido nas várias idades é uma característica diferente. Dessa forma, as covariâncias entre os pesos nas diferentes idades variam e as correlações podem ser menores que a unidade. Um estudo detalhado do crescimento, adotando-se esse modelo, leva em consideração um número elevado de características para incorporar informações de várias idades compreendidas no período de crescimento, tornando-o excessivamente parametrizado e podendo inviabilizar a análise, em razão das limitações computacionais e da dificuldade de interpretação (SAKAGUTI, 2000). Esse modelo pode ser entendido como de dimensão finita, em que uma escala contínua é arbitrariamente dividida em intervalos (MEYER, 1998) e apenas alguns pontos da curva de crescimento são amostrados; nestes, os animais

são selecionados, não havendo possibilidade de se fazer inferência em pontos intermediários.

Características que são mensuradas várias vezes durante a vida do animal são denominadas de dados longitudinais, ou seja, características de dimensão infinita. KIRKPATRICK e HECKMAN (1989) definem essas características como aquelas em que o fenótipo do indivíduo pode ser descrito por uma função, em vez de um número finito de mensurações. Como exemplo de característica de dimensão infinita, esses autores citam a trajetória de crescimento de um animal, a qual pode ser considerada como uma função que relaciona a idade do indivíduo com algumas mensurações de seu tamanho. Dessa forma, o tamanho do indivíduo para cada idade diferente pode ser considerado como características diferentes, havendo, então, um número infinito de idades. Biologicamente, isso poderia ser explicado por diferentes genes que se expressam em diferentes idades do animal, causando alterações fisiológicas e no desempenho do indivíduo (SCHAEFFER, 1997).

Tendo em vista que os valores genéticos dos animais são tomados como fatores aleatórios e que equações de regressão poderiam ser empregadas na descrição dos efeitos aleatórios de características cujos valores fenotípicos são funções da idade, SCHAEFFER e DEKKERS (1994) propuseram a utilização de modelos de regressão aleatória (HENDERSON Jr., 1982) na aplicação para avaliação genética de características, como curva de crescimento. Uma diferença básica entre os modelos de regressão aleatória e os tradicionais modelos (repetibilidade e multicaracterísticas) está na inclusão de colunas de covariáveis na matriz de incidência dos efeitos aleatórios, em substituição às colunas de zero e um.

Considerando-se o modelo de regressão aleatória, a forma da curva de crescimento de um indivíduo pode ser estudada por dois conjuntos de regressão dos pesos nas idades de mensuração. O primeiro se refere à parte de efeitos fixos da curva de crescimento, para cordeiros pertencentes à mesma classe de efeitos fixos, sendo, portanto, uma curva obtida por meio de uma equação de regressão fixa, que descreve a forma geral da curva de crescimento. O segundo conjunto de regressão é considerado aleatório, pois descreve os desvios da curva de crescimento de cada animal em relação à curva de regressão fixa.

As diferenças genéticas na curva de crescimento seriam estimadas, então, como desvios da curva predita para cada animal em relação à regressão estimada para a classe de efeito fixo à qual o animal pertence. Assim, a curva de crescimento devido à genética de cada indivíduo seria descrita por meio de uma regressão aleatória dos pesos sobre as idades. Assim, conhecendo-se a curva genética de cada animal, é possível identificar e selecionar animais com altas taxas de crescimento e maturidade sem alterar o peso adulto (ALBUQUERQUE e FRIES, 1998).

A estimação dos coeficientes de regressão aleatória para os efeitos aleatórios promove uma mudança no caráter descontínuo das estimativas de (co)variâncias das pesagens realizadas ao longo da trajetória de crescimento, para um caráter contínuo, permitindo estimar as (co)variâncias entre quaisquer medidas de peso tomadas num intervalo de tempo durante o processo de crescimento.

A utilização dos modelos de regressão aleatória, em avaliações genéticas, comparados aos modelos tradicionais, apresenta algumas vantagens: 1) abrange todo intervalo contínuo em que as medidas forem tomadas, permitindo predizer o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo (KIRKPATRICK e HECMAN, 1989); 2) permite a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o parentesco existente entre os animais; 3) podem-se utilizar mais eficientemente as informações disponíveis, sem a necessidade de empregar ajustes arbitrários em idades consideradas como padrão (MEYER e HILL, 1997); 4) permite estimação de um menor número de parâmetros, principalmente quando se objetiva obter parâmetros genéticos entre várias características analisadas simultaneamente (VEERKAMP e GODDARD, 1998; POOL e MEVWISSEN, 1999); e 5) os efeitos de ambiente peculiar a cada pesagem podem ser analisados (JAMROZIK et al., 1997).

Vários autores têm citado como desvantagem, no emprego de modelos de regressão aleatória, o aumento no requerimento computacional, devido ao maior número de efeitos aleatórios estimados por animal nas equações de modelos mistos. Entretanto, o surgimento de computadores com maior capacidade de memória e velocidade de processamento, aliado ao

aprimoramento das linguagens de programação, tem viabilizado a implementação desses modelos (MISZTAL, 1999).

Os modelos de regressão aleatória têm sido reconhecidos como ideais para análises de dados longitudinais no melhoramento genético animal. MEYER (2000), estudando pesos de bovinos de corte australianos por intermédio de modelos de regressão aleatória, concluiu que esses modelos foram apropriados para análises de dados de crescimento.

Nos modelos de regressão aleatória mais utilizados têm-se empregado regressões por meio de polinômios ortogonais de Legendre, pois, além de serem normalizados e ortogonais, são também indicados para analisar padrões de variações genéticas em trajetórias de crescimento (KIRKPATRICK et al., 1990). SAKAGUTI (2000), avaliando o crescimento de bovinos da raça Tabapuã, verificou que os modelos de ordem de ajuste menor que seis tenderam a subestimar as (co)variâncias genéticas entre os pesos dos animais nas idades mais avançadas. Segundo este autor, a necessidade de polinômios de alta ordem de ajuste pode ser atribuída ao extenso período estudado (do nascimento aos 550 dias de idade).

Segundo ALBUQUERQUE (2003), a regressão aleatória modelou adequadamente o padrão de (co)variâncias nos dados de bovinos da raça Nelore, obtendo estimativas semelhantes àquelas oriundas das análises unicaracterísticas. No entanto, ao se aumentar o grau de ajuste dos polinômios, aumentou os requerimentos computacionais e dificultou a convergência do processo iterativo. De acordo com essa autora, os modelos de regressão aleatória estão se tornando populares para tratar dados longitudinais e, no futuro, podem vir a substituir os modelos multicaracterísticas usuais para avaliações genéticas.

HUISMAN et al. (2002), analisando pesos de suínos em três idades por meio de modelos de regressão aleatória e multicaracterísticas, concluíram que o primeiro apresentou melhores resultados que o segundo.

Em ovinos de corte, são raros os trabalhos que têm empregado os modelos de regressão aleatória nas avaliações genéticas, principalmente quando se refere a ovinos deslanados. Na literatura nacional consultada ainda não se constatou a aplicação desta metodologia na estimação de parâmetros genéticos para esses ovinos.

Um dos poucos trabalhos usando a técnica da regressão aleatória foi realizado por LEWIS e BROTHERSTONE (2002). Esses autores avaliaram 40.371 observações de crescimento de 2.264 cordeiros da raça Suffolk, os quais apresentaram no mínimo sete e no máximo vinte e quatro pesagens. As regressões fixas e aleatórias foram modeladas por meio de polinômios ortogonais de Legendre, variando-se a ordem de ajuste em 3, 4 e 5, por ser fácil de manipular e apresentar boas propriedades de convergência. As herdabilidades estimadas foram de 0,10; 0,17; 0,28; 0,31; e 0,33 para os pesos aos 15, 60, 120, 135 e 150 dias de idade, respectivamente. Esses autores comentaram que a metodologia de regressão aleatória é uma ferramenta poderosa e flexível na avaliação de medidas repetidas para determinar o mérito genético dos animais.

Referências Bibliográficas

- ALBUQUERQUE, L. G.; FRIES, L. A. Modelos de regressão aleatória: possível aplicação na seleção de animais precoces. In: Congresso Brasileiro de Raças Zebuínas, 3, 1998, Uberaba, **Anais...** Uberaba: Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, 1998, p.129-144.
- ALBUQUERQUE, L.G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. Jaboticabal: UNESP, 2003. 83p. Tese (LIVRE-DOCENTE)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. 2003.
- ALBUQUERQUE, L.G; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- ALIMENTAÇÃO ANIMAL**. Ano 5, n.18, p.20 –21, abr./jun./2000.
- AL-SHOREPY. Estimates of genetic parameters for direct and maternal effects on birth weight of local sheep in United Arab Emirates. **Small Ruminant Research**, v.39, p.219-224, 2001.
- ANUÁRIO ESTATÍSTICO DO BRASIL . **IBGE**. <http://www.sidra.ibge.gov.br/cgi-bin> 07 de Set. 2000.
- BOUJENANE, I.; KANSARI, J. Estimates of (co)variances due to direct and maternal effects for body weights in Timahdite sheep. *Animal Science*, 74:409-414, 2002.
- COBUCCI, J.A. **Uso de modelos de regressão aleatória na avaliação da persistência da lactação de animais da raça Holandesa**. Viçosa; UFV, 2002. 99p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa. 2002.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MARTINEZ, M.L. et al. Estimation of genetic parameters for test day milk records of first lactation Gir cows in Brazil using random regression. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002, 1 CD-ROM.
- DUGUMA, G.; SCHOEMAN, S.J.; CLOETE, S.W.P. et al. Genetic parameter estimates of early growth traits in the Tygerhoek Merino flock. **South African Journal of Animal Science**, v.32, n.2, p.66-75, 2002.
- EL FADILI, M.; MICHAUX, C.; DETILLEUX, P.L. et al. Genetic parameters for growth traits of the Moroccan Timahdit breed of sheep. **Small Ruminant Research**, v.37, p.203-208, 2000.
- FIGUEIREDO, E. A. P.; SIMPLÍCIO, A. A.; PANT, K. P. Evolution sheep breeds for early growth in tropical Northeast Brasil. **Tropical Animal Production**, v.14, n.4, p.219-223, 1982.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF UNITED NATION PRODUCTION - **FAO**. FAOSTAT Database Collections. <http://apps.fao.org/page/collections> . 05 de Set. 2000.

- 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.M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal Animal Science**, v.80, p.575-582, 2002.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal Dairy Science**, v.80, n.6, p.1217-1226, 1997.
- 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.
- LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.
- LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R.; FERNANDES, A.A.O. Efeito de fatores genéticos e de ambiente sobre o peso ao nascimento de ovinos da raça Morada Nova no Sertão do Ceará. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38, 2001, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2001, CD-ROM. Melhoramento Animal.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal Animal Breeding Genetic**, v.116, n.3, p.181-203, 1999.
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetic 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.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.
- MISZTAL, I. Complex models, more data: simple programming? In: Proc. Int. Workshop on Computational Cattle Breeding'99. **Proceedings...** Tuusula, Finland, 1999. <http://www.csc.fi/ttn/ccb99>.
- MORAIS, O. O melhoramento genético de ovinos no Brasil: Situação atual e perspectivas para o futuro. In: Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 3º, 2000, Belo Horizonte, **Anais...** Viçosa, 2000, p.266-272.
- NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for pre-weaning weight traits in Dorper sheep. **Small Ruminant Research**, v.40, p.197-202, 2001.

- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Genetic evaluation of growth in beef cattle with random regression model. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002, 1 CD-ROM.
- NOTTER, D.R. Genetic parameters for growth traits in Suffolk and Polypay sheep. **Livestock Production Science**, v.55, p.205-213, 1998.
- OLIVEIRA, S.M.P.; FONSECA, C.G.; PEREIRA, C.S. et al. Estimativas de componentes de covariância e de parâmetros genéticos da curva de lactação através do modelo de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa. **Anais...** Viçosa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2000, CD-ROM. Melhoramento Animal.
- POOL, M. H.; MEUWISSEN, T. H. E. Prediction of daily mil yields from a limited number of test days using test day model. **Journal dairy Science**, v.82, n.7, p.1555-1564, 1999.
- QUESADA, M.; MCMANUS, C.; COUTO, F.A.A. Efeitos genéticos e fenotípicos sobre características de produção e reprodução de ovinos deslançados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.342-349, 2002.
- SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariância e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. Viçosa; UFV, 2000. 81p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; BREDA, F.C. et al. Parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle de cabras mestiças por meio de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40, 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003, CD-ROM. Melhoramento Animal.
- SCHAEFFER L. R. 1997. Random regression. <http://chuck.agsci.colostate.edu/wais/logs/agdg869258263.html>. Acessado em dezembro de 2001.
- SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: **Proceedings** 5th world congress genetic applied livestock production. Guelph, ON, Canada, p.443-446, 1994.
- SILVA, F.L.R.; ARAÚJO, A.M. Características de reprodução e de crescimento de ovinos mestiços Santa Inês, no Ceará. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1712-1720, 2000.
- SILVA, F.L.R.; FIGUEIREDO, E.A.P.; SIMPLÍCIO, A.A. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos de características de crescimento de desmame de cordeiros Santa Inês, no Estado do Ceará. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.5, p.845-852, 1996.

- SILVA, F.L.R.; FIGUEIREDO, E.A.P.; SIMPLÍCIO, A.A. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos dos pesos pré-desmama em ovinos da raça Somalis Brasileira, no Ceará. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.23, n.3, p.377-382, 1994.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1252-1262, 1999.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos para características de reprodução por intermédio de modelos lineares e de limiar. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2237-2247, 2000.
- VAN DER WERF, J.; SCAEFFER, L. **Random regression in animal breeding**. Course notes, Ontario: University of Guelph, 70p., 1997.
- VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal Dairy Science**, v.81, p.201-209, 1998.
- VEERKAMP, R.F., GODDARD, M.E. Covariance function across herd production levels for test day records en milk, fat, and protein yields. **Journal Dairy Science**, v.81, n.6, p.1690-1701, 1998.

Capítulo 1

Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas

Resumo – Utilizaram-se registros de pesos do nascimento aos 196 dias de idade de 927 cordeiros filhos de 45 reprodutores e 323 matrizes de ovinos da raça Santa Inês, controlados de 1983 a 2000, com objetivo de estimar parâmetros genéticos para os efeitos aditivos direto e materno, por meio de análises uni e bicaracterísticas. Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos direto e materno para os pesos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, sob modelo animal, por meio de análises unicaracterísticas para testar três modelos de análises, com o intuito de determinar o mais apropriado à descrição das características estudadas, o qual foi utilizado nas análises bicaracterísticas. De acordo com o teste de razão de verossimilhança, o modelo que incluiu o efeito aditivo mais o materno foi o escolhido para todas as características estudadas. A não-inclusão do efeito materno no modelo de análise superestimou as herdabilidades para o efeito direto (0,56 a 0,23). A importância do efeito materno diminuiu ao longo da trajetória de crescimento, à medida que a idade dos cordeiros aumentava. As herdabilidades estimadas nas análises bicaracterísticas para os efeitos genéticos diretos foram superiores às obtidas pelas análises unicaracterísticas. As correlações genéticas entre as características foram altas e positivas. O efeito materno foi importante para todas as características estudadas, devendo, portanto, ser considerado nos estudos de crescimento. As herdabilidades estimadas por meio das análises bicaracterísticas sugerem que essa técnica permite obter estimativas mais acuradas, comparadas às obtidas nas análises unicaracterísticas.

Palavras-chave: correlações genéticas, efeito materno, herdabilidade, modelo animal, ovinos deslançados.

Chapter 1

Estimation of genetic parameters for growth traits of Santa Ines sheep using single and multiple-trait models

Abstract – Records of birth weights at 196 days of age of 927 lambs progeny of 45 sires and 323 dams of Santa Ines sheep, controlled from 1983 to 2000, were used to estimate genetic parameters for additive direct and maternal effects by single and two-trait analyses. The (co)variance components and genetic direct and maternal parameters were estimated by restricted maximum likelihood methods, under animal model, using single-trait analyses, for test three analyses models, to establish the most appropriated to describe the studied traits, which was used in two-trait analyses. According to the likelihood ratio test, the model that included additive direct effect and the maternal was the one that showed higher value for log likelihood for all the studied trait. The not inclusion of maternal effect in analyses model overestimated the heritability for direct effect (0.56 to 0.23). The importance of maternal effect decreased along the growth trajectory, while the age of the lambs increased. The heritability estimates in two-trait analyses for genetic direct effect were higher than those obtained by single-trait analyses. The genetic correlations between the traits were high and positive. The maternal effect was important for all the studied traits, therefore, to be considered on the study of growth. The heritability estimates by means of the two-trait analyses suggest which technique allows to obtain more accurate estimates, compared those obtained in single-trait analyses.

Key words: animal model, genetics correlations, hair sheep, heritability, maternal effect

Introdução

Os ovinos são submetidos a mensurações de seu peso em várias idades, normalmente a intervalos de 28 dias, as quais são utilizadas como critérios de seleção, embora sejam obtidas no início da vida do animal, como do nascimento aos seis meses de idade. Os pesos em determinadas idades são assumidos serem características diferentes, geralmente correlacionadas, o que torna de fundamental importância conhecer a magnitude e a direção de tais correlações, uma vez que a seleção para uma delas poderá promover mudanças nas demais.

O estudo detalhado do crescimento, usando os pesos em várias idades em análise conjunta, por meio de modelos multicaracterísticas, é, em geral, mais consistente quando comparado a um modelo unicaracterística. Em análise multicaracterística, a avaliação de um animal para uma característica é composta pela contribuição de todas as outras características envolvidas na análise (SCHAEFFER, 1984).

MARQUES et al. (2001), analisando pesos de bovinos, verificaram que a seleção para pesos na desmama e com um ano de idade, usando informações combinadas de ambas as características, seria mais eficiente que o uso de parâmetros estimados por análise unicaracterística. Segundo esses autores, o uso da técnica de análises multicaracterísticas no melhoramento animal tem o objetivo de alcançar maior eficiência na resposta à seleção, por utilizar de modo mais intenso as informações disponíveis, considerar a existência de valores ausentes, ocasionados pela seleção seqüencial, e fazer uso das correlações existentes entre as características estudadas. Dessa forma, nos últimos anos os pesquisadores têm dado maior ênfase à análise de dados por meio de modelos multicaracterísticas para estimação dos componentes de variância.

No Brasil há poucas estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos de corte, principalmente utilizando-se modelos multicaracterísticas. No que se refere a ovinos deslanados, essas estimativas são ainda em menor número, sendo basicamente obtidas nos estudos realizados por SOUSA et al. (1999).

As características de crescimento, principalmente até o desmame, são influenciadas pelo efeito materno. Por isso, o valor fenotípico de um indivíduo é dependente da expressão da habilidade materna e da expressão dos genes para crescimento, havendo necessidade de considerar esses dois efeitos no estudo dessas características. Assim, algumas situações são de particular interesse em relação às características que são influenciadas pelo efeito materno: uma seria relacionada à obtenção de estimativas de herdabilidades diretas viesadas pela presença do efeito materno, quando este não é considerado; e a outra envolve a variação genética do efeito materno e a correlação entre efeitos genéticos aditivos direto e materno. De acordo com SOUSA et al. (1999), para aumentar o ganho genético em programas de seleção de características influenciadas pelo efeito materno, faz-se necessário obter mais informações sobre esse efeito. Se os efeitos genéticos maternos são importantes, mas não são considerados nos modelos, as herdabilidades podem ser superestimadas e, com isso, reduzir a eficiência de seleção.

Dessa forma, objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos para os efeitos aditivos direto e materno por meio de análises uni e bicaracterísticas, para pesos do nascimento aos 196 dias de idade, de ovinos deslanados da raça Santa Inês.

Material e métodos

Descrição dos dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de um rebanho experimental de ovinos da raça Santa Inês, pertencente à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB), criados em uma fazenda experimental localizada no município de Soledade, semi-árido paraibano, relativos ao período de 1983 a 2000.

A raça Santa Inês, encontrada em todo o Nordeste brasileiro, originou-se do cruzamento de ovinos da raça Bergamácia com ovelhas crioulas e Morada Nova, seguido por um período de seleção e/ou evolução para ausência de lã (SOUSA et al., 2000). Segundo Figueiredo et al. (1983), citados por SOUSA et al. (2000), a Santa Inês é uma raça de grande porte, com grande potencial para crescimento e produção de leite, porém com baixa taxa de partos múltiplos. O peso adulto das fêmeas varia, em condições normais de pastejo, de 40 a 60 kg de peso vivo, enquanto os machos podem atingir até 90 kg.

O arquivo de dados inicial constava de 1.261 animais com registros de pesos. Com o intuito de tornar os dados mais consistentes, foram feitas algumas restrições, considerando para análise apenas informações de cordeiros filhos de reprodutores com no mínimo três filhos; apenas de cordeiros filhos de ovelhas com no mínimo dois filhos; e somente informações de animais nascidos de parto simples e duplo. Foi definido, também, que grupos contemporâneos com no mínimo quatro animais foram mantidos no arquivo. Na Tabela 1 estão apresentadas a distribuição do número de observações que restaram após as restrições e algumas estatísticas descritivas para as características consideradas neste estudo.

Tabela 1 – Resumo da estrutura dos dados

Informações	Número	Média (kg)	Desvio-padrão (kg)
Peso ao nascer	855	3,61	0,72
Peso aos 56 dias de idade	924	12,65	3,32
Peso aos 112 dias de idade (desmama)	896	19,49	4,76
Peso aos 168 dias de idade	843	22,22	5,34
Peso aos 196 dias de idade	827	23,20	5,51
Reprodutores com progênes	45	-	-
Matrizes com progênes	323	-	-
Número de animais na matriz de parentesco	1.257	-	-

Todas as pesagens foram efetuadas a cada 28 dias. As ovelhas foram distribuídas em sete classes de idade ao parto: menor ou igual a dois anos, maior que dois e menor ou igual a três, maior que três e menor ou igual a quatro, maior que quatro e menor ou igual a cinco, maior que cinco e menor ou igual a seis, maior que seis e menor ou igual a sete e maior que sete anos; em duas classes de sexo: machos e fêmeas; em dois tipos de nascimento: nascidos de parto simples e de parto duplo; e em duas estações de nascimento: estação chuvosa (março a julho) e estação seca (agosto a fevereiro).

Práticas de manejo e seleção

Durante os 18 anos de coleta dos dados, as práticas de manejo adotadas no rebanho foram relativamente uniformes. Os animais permaneceram em pastagens nativa e nativa melhorada, formadas de capim-buffel (*Cenchrus ciliaris*) e capim-pangola (*Digitaria decumbis*), durante o período de disponibilidade de alimentos. No período de escassez de alimentos, os animais receberam, no cocho, suplementação alimentar à base de silagem, palma forrageira (*Opuntia ficus* sp.), capim-elefante (*Peninsetum purpureum*) e uma mistura concentrada, quando necessário, além de suplementação mineral durante todo o ano. O controle sanitário baseou-se em vacinações contra febre aftosa, controle sistemático de ecto e endoparasitas e tratamento clínico da linfadenite caseosa.

Os animais foram submetidos a um período de monta controlada, com duração de 42 a 60 dias, iniciando, normalmente, no mês de outubro, novembro ou dezembro, época seca, fazendo com que o terço final da gestação e parte da lactação coincidisse com a época chuvosa. Nesse período, as ovelhas receberam suplementação alimentar, devido à estacionalidade na produção de forragem. As fêmeas em estro foram identificadas por meio de machos vasectomizados e a monta foi controlada a intervalos de aproximadamente 12 horas, até a não-aceitação do macho por parte da fêmea. Os reprodutores selecionados foram acasalados ao acaso com as ovelhas do rebanho.

A seleção, inicialmente, foi feita enfatizando a conformação dos animais, por meio de avaliações visuais. Posteriormente, reprodutores e matrizes foram selecionados com base na ausência de defeitos, no desenvolvimento e saúde do sistema genital, na conformação dos aprumos, no desempenho reprodutivo e no crescimento das crias. A maioria dos reprodutores foi adquirida de rebanhos particulares, sendo os outros permutados entre outros rebanhos experimentais, os quais permaneciam no rebanho por um período máximo de três anos consecutivos. As ovelhas permaneciam no plantel até apresentarem algum motivo de descarte, destacando-se a infertilidade, a inabilidade materna, as enfermidades e a idade.

Modelos e análises

Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados pelo programa MTDFREML, desenvolvido por BOLDMAN et al. (1995), que utilizaram a metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML), por meio de um algoritmo não-derivativo (GRASER et al., 1987), empregando modelos animais em análises uni e bicaracterísticas. O programa utiliza o algoritmo simplex para localizar o mínimo de $-2 \log_e L$ (L = função de verossimilhança). Os componentes de (co)variância que minimizam $-2 \log_e L$ são estimativas de máxima verossimilhança, que maximizam a função de verossimilhança (L).

Como critério de convergência utilizou-se a variância dos valores do simplex ($-2 \log_e$ de verossimilhança) inferiores a 10^{-9} . Após cada convergência,

o programa foi reiniciado, usando as estimativas obtidas anteriormente como valores iniciais. Esse procedimento foi repetido até que as diferenças entre as estimativas das duas últimas convergências fossem menores que 10^{-6} .

Os modelos unicaracterísticas para as características peso ao nascer (PN), aos 56 (P56), aos 112 ou desmame (P112), aos 168 (P168) e aos 196 dias de idade (P196) foram os seguintes:

$$\text{Modelo 1: } \underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{Z}_1 \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{\varepsilon}$$

$$\text{Modelo 2: } \underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{b} + \underset{\sim}{Z}_1 \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{Z}_2 \underset{\sim}{m} + \underset{\sim}{e}, \text{Cov}(\underset{\sim}{a}, \underset{\sim}{m}) = \phi$$

$$\text{Modelo 3: } \underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{b} + \underset{\sim}{Z}_1 \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{Z}_2 \underset{\sim}{m} + \underset{\sim}{e}, \text{Cov}(\underset{\sim}{a}, \underset{\sim}{m}) = A \mathbf{s}_{am}$$

em que

$\underset{\sim}{y}$ = vetor n x 1 de observações;

$\underset{\sim}{X}$ = matriz n x f de incidência, relacionando as observações aos efeitos fixos;

$\underset{\sim}{b}$ = vetor f x 1 de efeitos fixos;

$\underset{\sim}{Z}_1$ = matriz n x N de incidência, relacionando as observações aos efeitos genéticos aditivos diretos;

$\underset{\sim}{a}$ = vetor N x 1 de efeitos genéticos aditivos diretos;

$\underset{\sim}{Z}_2$ = matriz n x N de incidência, relacionando as observações aos efeitos genéticos aditivos maternos;

$\underset{\sim}{m}$ = vetor N x 1 de efeitos genéticos aditivos maternos; e

$\underset{\sim}{e}$ = vetor de resíduos de mesma dimensão de $\underset{\sim}{y}$.

sendo

N = número de indivíduos;

n = número total de observações; e

f = número de classes de efeitos fixos.

Não foi possível ajustar um modelo com o efeito de ambiente permanente materno, em razão do volume de dados disponível.

As pressuposições assumidas em relação aos vetores dos modelos considerados são as seguintes:

Modelo 1

$$\begin{bmatrix} y \\ \sim \\ a \\ \sim \\ \varepsilon \\ \sim \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X \beta \\ \sim \\ 0 \\ \sim \\ 0 \\ \sim \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_1 G Z_1' + R & Z_1 G & R \\ G Z_1 & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

Modelo 2

$$\begin{bmatrix} y \\ \sim \\ a \\ \sim \\ m \\ \sim \\ e \\ \sim \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X \mathbf{b} \\ \sim \\ 0 \\ \sim \\ 0 \\ \sim \\ 0 \\ \sim \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_1 G Z_1' + Z_2 M Z_2' + R & Z_1 G & Z_2 M & R \\ G Z_1 & G & \mathbf{f} & \mathbf{f} \\ M Z_2 & \mathbf{f} & M & \mathbf{f} \\ R & \mathbf{f} & \mathbf{f} & R \end{bmatrix} \right\}$$

Modelo 3

$$\begin{bmatrix} y \\ \sim \\ a \\ \sim \\ m \\ \sim \\ e \\ \sim \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X \mathbf{b} \\ \sim \\ 0 \\ \sim \\ 0 \\ \sim \\ 0 \\ \sim \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & Z_1 G + Z_2 C & Z_2 M + Z_1 C & R \\ G Z_1' + C Z_2' & G & C & \mathbf{f} \\ M Z_2' + C Z_1' & C & M & \mathbf{f} \\ R & \mathbf{f} & \mathbf{f} & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que

$$V = Z_1 G Z_1' + Z_2 M Z_2' + Z_1 C Z_2' + Z_2 C Z_1' + R$$

$$G = A \mathbf{s}_a^2$$

$$M = A \mathbf{s}_m^2$$

$$C = A \mathbf{s}_{am}$$

$$R = \mathbf{I}_n \mathbf{s}_e^2$$

sendo

A = matriz de numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número de indivíduos;

s_a^2 = variância genética aditiva direta;

s_m^2 = variância genética aditiva materna;

s_{am} = covariância entre o efeito genético aditivo direto e o efeito genético aditivo materno;

I_n = matriz identidade de ordem n ; e

s_e^2 = variância residual.

As equações de modelos mistos, para os modelos considerados, são dadas por:

Modelo 1

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^o \\ \sim \\ \hat{a} \\ \sim \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_1'R^{-1}y \\ \sim \end{bmatrix}$$

Modelo 2

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + G^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + M^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^o \\ \sim \\ \hat{a} \\ \sim \\ \hat{m} \\ \sim \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_1'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_2'R^{-1}y \\ \sim \end{bmatrix}$$

Modelo 3

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + G^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 + C^{-1} \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 + C^{-1} & Z_2'R^{-1}Z_2 + M^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^o \\ \sim \\ \hat{a} \\ \sim \\ \hat{m} \\ \sim \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_1'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_2'R^{-1}y \\ \sim \end{bmatrix}$$

Os efeitos fixos considerados na análise foram grupo de contemporâneos, formados pela combinação do ano com a estação de nascimento, o tipo de nascimento, as classes de idade da ovelha ao parto e o sexo da cria.

Para determinar a importância da inclusão do efeito materno e da covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno no modelo de avaliação dos animais, utilizou-se o teste de razão de verossimilhança de modelos seqüencialmente reduzidos (RAO, 1973). O efeito foi considerado expressivo quando a sua inclusão causava aumento significativo no \log_e de L (logaritmo natural da função de verossimilhança). A estatística do teste de razão de verossimilhança (LR) foi calculada para testar a significância de um modelo i, que continha um parâmetro adicional, em comparação a outro modelo j, cujo parâmetro não estava presente. A estimativa foi então obtida pela seguinte expressão:

$$LR_{ij} = -2 \log_e (L_j/L_i),$$

$$LR_{ij} = 2 \log_e L_i - 2 \log_e L_j,$$

em que

LR_{ij} = estatística do teste de razão de verossimilhança para modelos seqüencialmente reduzidos;

L_i = máximo da função de verossimilhança restrita para o modelo completo i; e

L_j = máximo da função de verossimilhança restrita para o modelo reduzido j.

A estimativa da estatística do teste de razão de verossimilhança foi comparada com o valor do qui-quadrado (χ^2_{tab}), com um grau de liberdade e nível de significância de 1%. As conclusões foram feitas da seguinte maneira: se $LR > \chi^2_{(0,01;1)}$, o teste era significativo e o modelo completo forneceria maior valor da função de máxima verossimilhança em relação ao modelo reduzido.

A hipótese de nulidade testada foi de que as funções de verossimilhança restritas dos modelos completo e reduzido não diferiam entre si, ou seja, $H_0: \log_e L_i = \log_e L_j$.

As estimativas de herdabilidades dos efeitos genéticos aditivos direto (\hat{h}_a^2) e materno (\hat{h}_m^2) e as correlações entre os efeitos direto e materno (r_{am}) foram obtidas da seguinte maneira:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\mathbf{S}}_a^2}{\hat{\mathbf{S}}_f^2}$$

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\mathbf{S}}_m^2}{\hat{\mathbf{S}}_f^2}$$

$$r_{am} = \frac{\hat{\mathbf{S}}_{am}}{\sqrt{\hat{\mathbf{S}}_a^2 \cdot \hat{\mathbf{S}}_m^2}}$$

A herdabilidade total dos efeitos aditivos (\hat{h}_T^2) foi calculada de acordo com WILLHAM (1972):

$$\hat{h}_T^2 = \frac{\hat{\mathbf{S}}_a^2 + 0,5\hat{\mathbf{S}}_m^2 + 1,5\hat{\mathbf{S}}_{am}}{\hat{\mathbf{S}}_f^2}$$

em que

$\hat{\mathbf{s}}_a^2$ = estimador da variância atribuída aos efeitos genéticos diretos;

$\hat{\mathbf{s}}_m^2$ = estimador da variância atribuída aos efeitos genéticos maternos;

$\hat{\mathbf{S}}_{am}$ = estimador da covariância entre os efeitos genéticos direto e materno; e

$\hat{\mathbf{s}}_f^2$ = estimador da variância fenotípica.

As análises bicaracterísticas foram executadas entre todos os pares de pesos considerados no estudo, usando o mesmo programa e modelo apropriado, indicado pelo teste de razão de verossimilhança, com base nos resultados das análises unicaracterísticas, levando-se em consideração uma distribuição conjunta entre os pares de características. As estimativas obtidas nas análises unicaracterísticas foram usadas como valores iniciais para as análises bicaracterísticas. As estimativas de parâmetros genéticos para determinada característica foram calculadas como a média de todas as análises bicaracterísticas que incluíram a referida característica.

Resultados e discussão

Análises unicaracterísticas

As estimativas dos componentes de variância para as características estudadas, bem como os valores do logaritmo natural da função de verossimilhança ($\log_e L$) para cada modelo, estão sumarizadas na Tabela 2.

Tabela 2 – Estimativas de componentes de variância, valores do logaritmo natural da função de verossimilhança ($\log_e L$) e valores do teste de razão de verossimilhança (LR) para as características estudadas, de acordo com o modelo de análise

Modelos	Parâmetros	PN	P56	P112	P168	P196
1	\hat{s}_a^2	0,22199	2,86189	5,38941	5,18632	3,97282
	\hat{s}_e^2	0,17598	3,39117	7,00848	12,94667	13,44066
	\hat{s}_f^2	0,39796	6,25306	12,39789	18,13300	17,41348
	$\log_e L$	-17,8754	-1201,403	-1445,413	-1517,383	-1483,918
2	\hat{s}_a^2	0,06086	0,00005	0,00007	0,05101	0,00003
	\hat{s}_m^2	0,07906	1,65545	2,81756	3,45788	3,04825
	\hat{s}_e^2	0,23586	4,24992	8,88388	14,10753	13,99528
	\hat{s}_f^2	0,37577	5,90537	11,70144	17,61643	17,04356
	$\log_e L$	-7,1582	-1181,749	-1432,409	-1508,117	-1475,464
	LR ¹	21,4343**	39,3084**	26,0083**	18,5310**	16,9093**
3	\hat{s}_a^2	0,07571	0,00004	0,00006	0,30977	0,00374
	\hat{s}_m^2	0,11917	1,657	2,81756	2,51404	3,02024
	\hat{s}_{am}	-0,04467	0,00075	-0,0006	0,88248	0,10625
	\hat{s}_e^2	0,22719	4,24948	8,88388	13,92502	13,96134
	\hat{s}_f^2	0,37741	5,90723	11,70084	17,6313	17,09157
	$\log_e L$	-6,8404	-1181,749	-1432,409	-1507,706	-1475,406
	LR ²	0,6356 ^{ns}	0,0008 ^{ns}	-0,0003 ^{ns}	0,8226 ^{ns}	0,1162 ^{ns}

** = significativo a 1% de probabilidade.

^{ns} = não-significativo.

¹ = modelo 2 com 1; ² = modelo 3 com 2.

Observa-se, na Tabela 2, que a inclusão do efeito materno (modelo 2) proporcionou aumento nos valores do $\log_e L$ para as características, quando comparados com os valores obtidos pelo modelo 1. De acordo com o teste de razão de verossimilhança, esses aumentos provocados pela inclusão do efeito

materno foram todos significativos. No modelo 3, a inclusão da covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno proporcionou pequena mudança no $\log_e L$, não sendo significativa para nenhuma das características, evidenciando que a covariância, nesse caso, pode ser desconsiderada na análise, corroborando assim os achados de SOUSA et al. (1999).

Esses resultados indicam que a inclusão do efeito materno nos modelos de análise das características de crescimento é de fundamental importância mesmo para pesos pós-desmama, como aos 168 e 196 dias de idade. Os valores do teste de razão de verossimilhança (LR) para o modelo 2 (Tabela 2) decresceram a partir do peso aos 56 dias de idade, evidenciando diminuição da importância desse efeito à medida que o cordeiro cresce. Dessa forma, com base no teste de razão de verossimilhança, o modelo 2 é o mais indicado para avaliação das características de crescimento estudadas, ou seja, a inclusão do efeito materno deve ser recomendada.

As estimativas de parâmetros genéticos para as características analisadas estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3 – Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto (\hat{h}_a^2) e materno (\hat{h}_m^2), correlações entre os efeitos aditivos direto e materno (r_{am}) e herdabilidade total (\hat{h}_T^2) para as características estudadas, de acordo com o modelo de análise

Modelos	Parâmetros	PN	P56	P112	P168	P196
1	\hat{h}_a^2	0,56	0,46	0,43	0,29	0,23
	\hat{h}_T^2	0,56	0,46	0,43	0,29	0,23
2	\hat{h}_a^2	0,16	0,00	0,00	0,00	0,00
	\hat{h}_m^2	0,21	0,28	0,24	0,20	0,18
	\hat{h}_T^2	0,27	0,14	0,12	0,10	0,09
3	\hat{h}_a^2	0,20	0,00	0,00	0,02	0,00
	\hat{h}_m^2	0,32	0,28	0,24	0,14	0,18
	r_{am}	-0,47	0,99	-0,24	1,00	1,00
	\hat{h}_T^2	0,18	0,14	0,12	0,16	0,10

As estimativas de herdabilidade para as características obtidas pelo modelo 1 foram consistentemente mais altas do que as estimadas pelos modelos 2 e 3, com tendência de diminuir do nascimento aos 196 dias de idade (Tabela 3). DUGUMA et al. (2002) reportaram resultados semelhantes, no qual as herdabilidades estimadas por meio de modelos que não incluíram o efeito materno foram maiores. Essas estimativas foram superiores à maioria daquelas relatadas por vários autores para diferentes raças de ovinos deslanados e métodos de estimação, conforme verificado na literatura consultada.

Nos modelos 2 e 3, nos quais se incluiu, além do efeito aditivo direto, o efeito materno (modelo 2) e o efeito materno mais a covariância entre os efeitos direto e materno (modelo 3), as estimativas de herdabilidade para os efeitos genéticos aditivos diretos foram mais baixas para as cinco características estudadas, quando comparadas às obtidas pelo modelo 1. Essa mesma tendência foi constatada por SOUSA et al. (1999), ao ajustarem um modelo correspondente ao 3 para as características peso ao nascer, aos 112 e 196 dias de idade em ovinos da raça Santa Inês. Resultados similares foram reportados por DUGUMA et al. (2002), os quais, ao incluírem o efeito materno no modelo, observaram que as estimativas de herdabilidade direta diminuíram de 0,38 para 0,19 no peso ao nascer e de 0,36 para 0,29 no peso ao desmame. Esses resultados evidenciam que a não-inclusão do efeito materno para características de crescimento de ovinos pode inflacionar os componentes de variância devido aos efeitos genéticos aditivos diretos, resultando em estimativas de herdabilidades para efeito direto superestimadas.

As herdabilidades aditivas diretas estimadas pelos modelos 2 e 3 para as características estudadas, com exceção do peso ao nascimento, foram próximas de zero. Esses valores podem ter sido obtidos devido ao tamanho da amostra, ou seja, o pequeno número de observações consideradas neste estudo, possivelmente, dificultou a partição entre os efeitos direto e materno pelo método empregado. Dessa forma, ao incluir o efeito materno no modelo, a variação decorrente do efeito aditivo direto pode ter sido direcionada para o efeito materno, fazendo com que os componentes de variâncias e herdabilidades estimadas para os efeitos aditivos diretos ficassem próximos de zero. SOUSA (1997), ao incluir o efeito materno no modelo, constatou que a

herdabilidade para o efeito direto diminuiu de 0,37 para 0,04 e de 0,31 para 0,06 para os pesos aos 112 e 196 dias de idade, respectivamente.

A inclusão do efeito materno proporcionou grande impacto nas estimativas de componentes de variância, como foi indicado pelo teste de razão de verossimilhança. A contribuição proporcional do efeito materno para a variância fenotípica total aumentou do nascimento aos 56 dias de idade; a partir desse ponto, a contribuição diminuiu, até os 196 dias de idade (Tabela 3). As estimativas de herdabilidade para o efeito genético materno foram de magnitude média, variando de 0,28 para peso aos 56 dias de idade a 0,18 para peso aos 196 dias. Esses resultados mostram que o efeito materno não deve ser ignorado, mesmo para pesos medidos após a idade de desmama. Mesmo o efeito materno permanecendo evidente após a desmama, verificou-se tendência de declínio, concordando com a maioria dos resultados encontrados na literatura, como os obtidos por SOUSA et al. (1999), EL FADILI et al. (2000) e QUESADA et al. (2002). Essa tendência era, de certa forma, esperada, pelo fato de o cordeiro tornar-se menos dependente da mãe à medida que cresce.

Com a desmama acontecendo por volta dos 112 dias de idade, esperava-se que aos 196 dias de idade a influência materna fosse de menor magnitude. O resultado observado pode ser devido às condições de criação, em que os cordeiros são criados ao pé da ovelha, favorecendo uma maior dependência destes aos cuidados maternos. Dessa forma, mesmo os cordeiros sendo totalmente desmamados aos 112 dias de idade, uma influência residual desse efeito pode se estender até os 196 dias de idade. Estudos adicionais com pesos medidos em idades mais avançadas podem ser interessantes, visando buscar a informação sobre até que idade a influência desse efeito pode persistir.

Vale salientar que, pelo fato de não considerar nos modelos o efeito permanente de ambiente materno, a variância genética aditiva materna pode ter sido inflacionada, resultando em herdabilidades maternas superestimadas. Ajustando um modelo que incluía o efeito de ambiente permanente materno, SOUSA et al. (1999) estimaram herdabilidade materna variando de 0,11 a 0,08 para os pesos do nascimento aos 196 dias de idade; QUESADA et al. (2002) obtiveram estimativas variando de 0,22 a 0,09 do nascimento aos 210 dias. Entretanto, EL FADILI et al. (2000) verificaram que, quando não incluíram esse

efeito, as herdabilidades maternas variaram de 0,59 a 0,24, do nascimento aos 90 dias de idade.

As estimativas de correlações entre os efeitos genéticos direto e materno foram moderadas e negativas para os pesos ao nascer e à desmama, porém altas e positivas para os demais pesos (Tabela 3). SOUSA et al. (1999) encontraram correlações de -0,15 e -0,31 para os pesos ao nascer e à desmama e de 0,67 para o peso aos 196 dias de idade. Esses mesmos autores, ao ajustarem um modelo que, além do efeito genético direto, incluiu o efeito genético materno e o permanente de ambiente materno, encontraram correlação entre os efeitos direto e materno de 0,98 para peso aos 196 dias de idade. Os resultados encontrados para pesos pós-desmama mostraram uma tendência dessa correlação ser positiva de média a alta magnitude, mas não igual à unidade, como encontrado neste estudo, o que pode ser reflexo do número de informações analisadas.

Muitas discussões têm sido feitas sobre o sinal da correlação entre os efeitos direto e materno. MAGANABOSCO et al. (1996) enfatizaram que as altas e negativas correlações seriam devidas mais a erros de modelagem do que a uma causa biológica. Para ROBINSON (1996), as estimativas negativas são provavelmente consequência de uma variação adicional entre touros, ou variação reprodutor x ano, do que evidências de um relacionamento genético negativo verdadeiro. ELER et al. (2000) verificaram que as correlações passaram de negativas para próximas de zero e positivas quando se considerou, no modelo, o efeito da interação reprodutor x rebanho.

Os resultados observados para as correlações genéticas entre os efeitos direto e materno, em ovinos, são de certo modo contraditórios. MARIA et al. (1993) encontraram correlações altas e negativas entre esses efeitos para vários pesos. NESER et al. (2001) estimaram correlação positiva e moderada para peso ao nascer e de moderada a alta, mas negativa, para peso à desmama; DUGUMA et al. (2002) obtiveram estimativas negativas e moderadas para peso ao nascer e baixas e positivas para peso à desmama; já BOUJENAME e KANSARI (2002) verificaram correlações moderadas e negativas para características do nascimento aos 90 dias de idade.

As estimativas de herdabilidade total decresceram do nascimento aos 196 dias de idade (Tabela 3), apresentando variação de baixa a moderada para

as características estudadas. No modelo 2, as estimativas variaram de 0,27 a 0,09, enquanto no 3, de 0,18 a 0,10. NESER et al. (2001) obtiveram resultados semelhantes ao deste estudo; entretanto, BOUJENANE e KANSARI (2002) verificaram ligeira tendência de aumento na estimativa de \hat{h}_T^2 do nascimento aos 90 dias de idade, com valores variando de 0,03 a 0,06. A inclusão do efeito materno no modelo reduziu consideravelmente as estimativas de \hat{h}_T^2 . Isso pode ser justificado por \hat{h}_T^2 ser função de \hat{h}_a^2 e \hat{h}_m^2 e pelo fato de a inclusão do efeito materno ter diminuído a contribuição do efeito direto. Dessa forma, a não-inclusão do efeito materno levou à superestimação da herdabilidade total.

Análises bicaracterísticas

As análises bicaracterísticas, combinando os cinco pesos considerados, foram realizadas utilizando-se o modelo 2, como indicado pelo teste de razão de verossimilhança. Os resultados obtidos nessas análises estão apresentados na Tabela 4.

Tabela 4 – Estimativas de herdabilidade média para os efeitos genéticos aditivos direto (diagonal fora de parênteses), materno (diagonal entre parênteses) e de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para as características estudadas

Características	PN	P56	P112	P168	P196
PN	0,23(0,17)	1,00	1,00	0,75	1,00
P56	0,24	0,06(0,25)	1,00	1,00	1,00
P112	0,21	0,42	0,03(0,23)	0,99	1,00
P168	0,19	0,41	0,46	0,05(0,19)	1,00
P196	0,20	0,38	0,44	0,55	0,03(0,18)

As estimativas de herdabilidade direta foram levemente superiores, para as cinco características, às obtidas pelo modelo 2 nas análises unicaracterísticas. Pode-se observar na Figura 1 que a herdabilidade para o efeito direto tendeu a diminuir do nascimento aos 196 dias de idade, sendo a

maior redução verificada do nascimento aos 56 dias: de 0,23 para 0,06. Esses resultados sugerem que a informação de outra característica contribuiu na estimação dos efeitos genéticos aditivos diretos e, de certa forma, até melhorou a partição dos efeitos genéticos direto e materno. De acordo com TORRES (1998), o aumento nas estimativas de herdabilidade, provavelmente, ocorre devido ao fato de o incremento no número de observações em análises bicaracterísticas, que utilizam a relação entre animais nas diferentes características para estimar esses valores, contribuir para resgatar maior proporção da variância genética aditiva.

SOUSA et al. (1999) estimaram herdabilidade de 0,09, 0,05 e 0,08, por meio de análises bicaracterísticas, para os pesos ao nascimento, aos 112 e 196 dias de idade, respectivamente, havendo pequena redução na estimativa de herdabilidade para peso ao nascer e ligeiro aumento nas estimativas dos demais pesos, quando comparadas às obtidas pelas análises unicaracterísticas. Já BOUJENANE e KANSARI (2002) obtiveram nas análises bicaracterísticas estimativas de 0,05, 0,02, 0,06 e 0,06 para os pesos ao nascer, 30, 70 e 90 dias de idade, não havendo, praticamente, alteração quando comparadas com as herdabilidades estimadas por meio das análises unicaracterísticas.

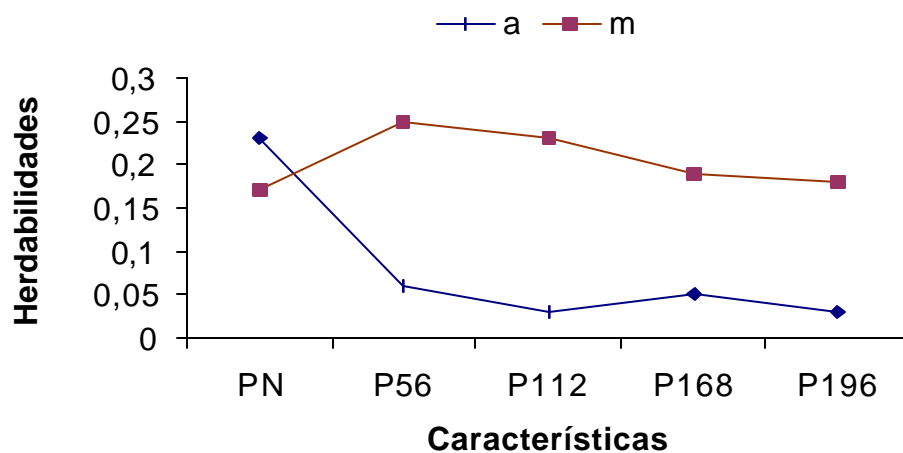


Figura 1 - Estimativas de herdabilidades direta (a) e materna (m) para as características avaliadas durante o período de crescimento estudado.

De modo geral, as estimativas de herdabilidade direta para as características foram de baixa magnitude. Esses resultados mostram que o fenótipo não é um bom indicador do genótipo dos indivíduos. Assim, espera-se que a seleção individual não proporcione ganhos genéticos satisfatórios.

As estimativas de herdabilidade materna apresentaram o mesmo comportamento das obtidas pelas análises unicaracterísticas, porém com valores ligeiramente inferiores (Tabela 4). Como se pode observar na Figura 1, houve pequeno aumento até os 56 dias de idade e, a partir desse ponto, decréscimo até os 196 dias. Assim como nas análises unicaracterísticas, a contribuição da parte genética materna ainda permaneceu alta aos 196 dias, com uma herdabilidade de 0,18, confirmando que nessa idade existem resquícios desse efeito ou, ainda, que o aumento no número de informações, por ocasião das análises bicaracterísticas, não foi totalmente eficiente na correta partição dos efeitos genéticos direto e materno. BOUJENANE e KANSARI (2002) estimaram herdabilidades para o efeito materno iguais a 0,05, 0,07, 0,07 e 0,04 para os pesos ao nascer, 30, 70 e 90 dias, respectivamente, sendo essas estimativas semelhantes às obtidas nas análises unicaracterísticas.

As estimativas de correlações genéticas diretas entre as características foram todas positivas e de alta magnitude - quase todas iguais à unidade (Tabela 4). Esses resultados não mostraram uma tendência esperada, isto é, de diminuir à medida que a distância em tempo entre as pesagens aumenta. Isso pode ter acontecido, provavelmente, devido ao pequeno número de informações disponíveis para estimar essas correlações. Os valores encontrados na literatura são na maioria inferiores aos obtidos neste estudo, como os verificados por SOUSA et al. (1999), que estimaram correlações de 0,37 entre pesos ao nascer e 112 dias; de -0,11 entre pesos ao nascer e 196 dias; e de 0,28 entre pesos aos 112 e 196 dias de idade. QUESADA et al. (2002) obtiveram correlações positivas variando de 0,21 a 0,39 entre os pesos do nascimento aos 210 dias de idade em ovinos Morada Nova, as quais tenderam a diminuir, ao passo que as pesagens se distanciaram no tempo. Essa mesma tendência foi verificada por BOUJENANE e KANSARI (2002), porém com valores de maior magnitude, variando de 0,69 a 1,00 para os pesos do nascimento aos 90 dias de idade.

O conhecimento da amplitude e direção das correlações genéticas entre as diferentes características de crescimento representa uma ferramenta importante no melhoramento animal, por prever o comportamento futuro de uma característica quando se seleciona para outra (SARMENTO, 2001). As altas correlações genéticas obtidas neste estudo entre as características indicam que a maioria dos genes que atuam em uma atuam nas demais e no mesmo sentido; disso resulta que os animais mais pesados ao desmame também o podem ser aos 196 dias de idade, por exemplo. No entanto, sabe-se que a resposta correlacionada não depende exclusivamente da correlação genética entre as características, mas também das herdabilidades das características envolvidas no processo de seleção, como se pode constatar na equação de resposta correlacionada (RC) apresentada por FALCONER (1987), que é dada por: $RC_y = ih_x h_y r_a s_{p_y}$, em que RC_y é a resposta correlacionada no caráter y quando se seleciona para x; i é a intensidade de seleção; h_x é a raiz quadrada da herdabilidade para o caráter x; h_y é a raiz quadrada da herdabilidade para o caráter y; r_a é a correlação genética entre as características; e s_{p_y} é o desvio-padrão fenotípico do caráter y. Dessa forma, apesar das altas correlações genéticas entre as características, a resposta correlacionada pela seleção indireta, mesmo sendo eficiente, resultará em ganhos genéticos muito baixos.

As correlações fenotípicas obtidas foram todas positivas e variaram de baixa a moderada magnitude, sendo as mais altas entre idades adjacentes (Tabela 4), indicando que as características estudadas têm certa dependência fenotípica. Os resultados obtidos por BOUJENANE e KANSARI (2002) seguiram essa mesma tendência, porém com valores de maior magnitude, variando de 0,28 a 0,91 entre pesos do nascimento aos 90 dias de idade.

A correlação fenotípica (r_p) entre duas características é composta por dois componentes, um genético e outro de meio, podendo ser expressa como: $r_p = h_x h_y r_a + e_x e_y r_e$ (FALCONER, 1987). Esta equação mostra que, se as características possuem baixas herdabilidades, mesmo com alta correlação genética, a correlação fenotípica é determinada, principalmente, pela contribuição do ambiente ($e_x e_y r_e$). A correlação fenotípica obtida, neste estudo,

entre os pesos aos 168 e 196 dias de idade foi de 0,55. Decompondo essa correlação em suas contribuições genéticas e de ambiente (0,03 e 0,52, respectivamente), constatou-se que a contribuição da parte genética para essa correlação foi muito pequena, quando comparada à parte ambiental.

Conclusões

Os valores de herdabilidades obtidas para os pesos corporais nas idades consideradas indicam que o progresso genético esperado por meio de seleção individual é pequeno.

O efeito materno no modelo apresentou importante influência sobre todas as características estudadas, devendo, portanto, ser considerado nos estudos de características de crescimento, mesmo após a desmama.

As análises bicaracterísticas, por utilizarem maior número de informações e as relações entre as características, possibilitaram resgatar maior parte da variância aditiva direta, levando a estimativas maiores de herdabilidade.

Estudos adicionais devem ser realizados envolvendo maior número de informações, o que permitirá inferir com maior exatidão esses parâmetros.

Referências Bibliográficas

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; Van VLECK, D.L. et al. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT] Lincoln: USDA/ARS, 1995. 120p.
- BOUJENANE, I.; KANSARI, J. Estimates of (co)variances due to direct and maternal effects for body weights in Timahdite sheep. **Animal Science**, v.28, p.409-414, 2002.
- DUGUMA, G.; SCHOEMAN, S.J.; CLOETE, S.W.P. et al. Genetic parameter estimates of early growth traits in the Tygerhoek Merino flock. **South African Journal of Animal Science**, v.32, n.2, p.66-75, 2002.
- EL FADILI, M.; MICHAUX, C.; DETILLEUX, P.L. et al. Genetic parameters for growth traits of the Moroccan Timahdit breed of sheep. **Small Ruminant Research**, v.37, p.203-208, 2000.
- ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L. et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1642-1648, 2000.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M.A. SILVA e J.C. SILVA. Viçosa: Imprensa Universitária. 279p, 1987.
- GRASER, H.U.; SMITH, S.P.; TIER, B. A derivative-free approach for estimating variance components in animal model by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, v.64, p.1362-1370, 1987.
- MAGNABOSCO, C.U.; FAMULA, T.R.; LÔBO, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de ambiente de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996. p.142-144.
- MARIA, G.A.; BOLDMAN, K.G.; VAN VLECK, L.D. Estimates of variance due to direct and maternal effects for growth traits of Romanov sheep. **Journal of Animal Science**, v.71, p.845-849, 1993.
- MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. Análises uni e bicaracterística dos pesos de bovinos Simental. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 38, 2001, Piracicaba, **Anais...** Piracicaba: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2001, CD-ROM. Melhoramento Animal.
- NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for pre-weaning weight traits in Dorper sheep. **Small Ruminant Research**, v.40, p.197-202, 2001.
- QUESADA, M.; MCMANUS, C.; COUTO, F.A.A. Efeitos genéticos e fenotípicos sobre características de produção e reprodução de ovinos deslanados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.342-349, 2002.
- RAO, C.R. **Linear statistical inference and its applications**. 2ed. New York: John Wilwy & Sons. 552p, 1973.

- ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**, v.45, p.1-11, 1996.
- SARMENTO, J.L.R. **Efeitos ambientais e genéticos no crescimento de bovinos Nelore na Paraíba**. Areia: UFPB, 2001. 47p. Monografia (Trabalho de Graduação) - Universidade Federal da Paraíba. 2001.
- SCHAEFFER, L.R. Sire and cow evaluation under multiple trait models. **Journal Dairy Science**, v.67, p.1567-1580, 1984.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos para características de reprodução por intermédio de modelos lineares e de limiar. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2237-2247, 2000.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1252-1262, 1999.
- SOUSA, W.H. **Aplicação de modelos lineares e não lineares em características de reprodução sobrevivência e crescimento de ovinos deslanados da raça Santa Inês**. Belo Horizonte: UFMG, 1997. 131p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Minas Gerais. 1997.
- TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil**. Belo Horizonte: UFMG, 1998. 124p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Minas Gerais. 1998.
- WILLHAM, R.L. The role of maternal effects in animal breeding. III Biometrical aspects of maternal effects in animals. **Journal of Animal Science**, v.35, n.6, p.1288-1293, 1972.

Capítulo 2

Avaliação genética do crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória

Resumo – Foram utilizados registros de pesos do nascimento aos 196 dias de idade de 927 cordeiros, filhos de 45 reprodutores e 323 matrizes, da raça Santa Inês, controlados de 1983 a 2000, com os objetivos de estimar parâmetros genéticos e predizer valores genéticos dos animais por meio de modelos de regressão aleatória e compará-los aos obtidos através de modelos bicaracterísticas. Os modelos de regressão aleatória foram ajustados por intermédio de polinômios de Legendre, usando o método da máxima verossimilhança restrita (REML). As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto aumentaram do nascimento aos 196 dias de idade, com tendência de serem mais baixas nas idades em que as estimativas do efeito materno foram mais altas. As herdabilidades para o efeito materno aumentaram do nascimento aos 56 dias, decrescendo em seguida com a idade. As herdabilidades para o efeito direto obtidas pelas análises bicaracterísticas e regressão aleatória apresentaram tendência oposta. Enquanto as estimativas obtidas pelas análises bicaracterísticas decresceram do nascimento aos 196 dias de idade, as obtidas pelos modelos de regressão aleatória aumentaram. As herdabilidades para efeito materno estimadas pelos modelos de regressão aleatória e bicaracterísticas apresentaram o mesmo comportamento, porém em diferentes magnitudes. A correlação de ordem e entre os valores genéticos preditos pelos dois modelos foi baixa. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas obtidas pelo modelo de regressão aleatória foram biologicamente mais coerentes quando comparadas àquelas obtidas pelo modelo bicaracterística. Entretanto, estudos adicionais devem ser realizados com o objetivo de avaliar com mais acurácia os resultados obtidos por ambos os modelos.

Palavras-chave: efeito materno, herdabilidade, modelo animal, ovinos deslanados, polinômios de Legendre.

Chapter 2

Genetic evaluation of growth Santa Ines sheep using random regression models

Abstract - Records of birth weights at 196 days of age of 927 lambs progeny of 45 sires and 323 dams of Santa Ines sheep, recorded from 1983 to 2000, were used to estimate genetic parameters and to predict breeding values by random regression models and compares them the through of two-trait model. The random regression models were fitted by quadratic and cubic orthogonal Legendre polynomials, using restricted maximum likelihood methods (REML). The heritability estimates of direct effect increased from birth to 196 days of age, with a tendency to be lower at ages where the estimates of the maternal effects were higher. The heritability for the maternal effect increased from birth to 56 days and, after, decreased with the age. The heritabilities for direct effect obtained by two-trait and random regression analyses showed opposite tendency. While the estimates obtained by two-trait analyses decreased from birth to 196 days of age, those obtained by random regression models increased. The heritabilities for maternal effect, obtained by both models, tending to show the same behavior, however of greatness different. The Spearman and Pearson correlations among the breeding values obtained both by the models were low. The estimates of heritability and genetic correlations obtained by means of random regression model were biologically more consistent when compared those obtained by two-trait model. However, additional studies involving larger number of information should be accomplished with purpose of evaluation with more accuracy the results obtained by both models.

Key words: animal model, hair sheep, heritability, Legendre polynomial, maternal effect

Introdução

A principal informação para avaliação genética e seleção de ovinos de corte são os pesos corporais mensurados durante o período de crescimento. As pesagens são, normalmente, feitas a intervalos de 28 dias, permitindo que cada animal tenha várias medições de seu peso, o que caracteriza as chamadas medidas repetidas ou dados longitudinais. Essas terminologias têm sido usadas para caracterizar conjuntos de observações provenientes de várias medições tomadas em um mesmo indivíduo ao longo do tempo, como os pesos corporais de um animal medidos em várias idades.

Nos últimos anos, essa estrutura de dados tem recebido atenção especial por parte dos pesquisadores em melhoramento animal. Tendo em vista que os valores genéticos dos animais são tomados como fatores aleatórios e que equações de regressão poderiam ser empregadas na descrição desses fatores, SCHAEFFER e DEKKERS (1994) propuseram a utilização de um modelo animal que continha coeficientes de regressão aleatória (HENDERSON JR., 1982) para avaliação genética de características que são medidas várias vezes durante a vida do animal.

Os modelos de regressão aleatória, comparados aos modelos multicaracterísticas, apresentam algumas vantagens: abrangem todo o intervalo contínuo em que as medidas forem tomadas, permitindo predizer o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo (KIRKPATRICK e HECKMAN, 1989); permitem a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o parentesco existente entre os animais; podem-se utilizar mais eficientemente as informações disponíveis, sem a necessidade de empregar ajustes arbitrários em idades consideradas como padrão (MEYER e HILL, 1997); e os efeitos de ambiente peculiar a cada pesagem podem ser analisados (JAMROZIK et al., 1997).

Os modelos de regressão aleatória têm sido reconhecidos como ideais para análise de dados longitudinais no melhoramento animal e têm sido utilizados para modelar várias características em algumas espécies de animais domésticos, como bovinos de leite (JAMROZIK et al., 1997; VAN DER WERF et al., 1998; COSTA et al., 2002), bovinos de corte (MEYER, 1999, 2000; SAKAGUTI et al., 2002; ALBUQUERQUE e MEYER, 2001; NOBRE et al.,

2003), crescimento de suínos (HUISMAN et al., 2002), caprinos de leite (OLIVEIRA et al., 2000; SARMENTO et al., 2003) e ovinos de corte (LEWIS e BROTHERSTONE, 2002). No entanto, em ovinos deslanados não se constataram trabalhos que tenham empregado esses modelos na avaliação genética do crescimento.

Assim, objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos para os efeitos aditivos direto e materno e predizer valores genéticos dos animais por meio de modelos de regressão aleatória para pesos de ovinos Santa Inês, bem como comparar os resultados aos obtidos com um modelo bicaracterística, de modo a averiguar a aplicabilidade dos modelos de regressão aleatória.

Material e métodos

Descrição dos dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de um rebanho experimental de ovinos da raça Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB), criados em uma fazenda experimental localizada no município de Soledade, semi-árido paraibano, relativos ao período de 1983 a 2000.

A raça Santa Inês, encontrada em todo o Nordeste brasileiro, originou-se do cruzamento de ovinos da raça Bergamácia com ovelhas Crioulas e Morada Nova, seguido por um período de seleção e/ou evolução para ausência de lã (SOUSA et al., 2000). Segundo Figueiredo et al. (1983), citados por SOUSA et al. (2000), é uma raça de grande porte com alto potencial para crescimento e produção de leite, porém com baixa taxa de partos múltiplos. O peso adulto das fêmeas varia, em condições normais de pastejo, de 40 a 60 kg de peso vivo, enquanto os machos podem atingir até 90 kg.

O arquivo inicial constava de 7.600 registros de pesos do nascimento aos 196 dias de idade. Com o intuito de tornar os dados mais consistentes, foram consideradas para análise informações de cordeiros filhos de reprodutores com no mínimo três progênies; de cordeiros filhos de ovelhas com no mínimo duas progênies; de animais com no mínimo três pesagens; e de animais nascidos de parto simples e duplo. Foi definido, também, que grupos de contemporâneos com no mínimo quatro observações foram mantidos no arquivo. O resumo da estrutura dos dados utilizados está apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Resumo da estrutura dos dados

Informações	Número
Dados	6.945
Animais com observações	927
Com 3 observações	18
Com 4 observações	9
Com 5 observações	27
Com 6 observações	50
Com 7 observações	164
Com 8 observações	659
Carneiros	45
Ovelhas	323
Animais nas análises	1.257

Todas as pesagens foram efetuadas a cada 28 dias. Os pesos corporais foram distribuídos em sete classes de idade da ovelha: menor ou igual a dois anos, maior que dois e menor ou igual a três, maior que três e menor ou igual a quatro, maior que quatro e menor ou igual a cinco, maior que cinco e menor ou igual a seis, maior que seis e menor ou igual a sete e maior que sete anos; em duas classes de sexo: machos e fêmeas; em dois tipos de nascimento: nascidos de parto simples e de parto duplo; e em duas estações de pesagens: estação chuvosa (março a julho) e estação seca (agosto a fevereiro). O número de dados e o peso médio para cada idade estão apresentados na Figura 1.

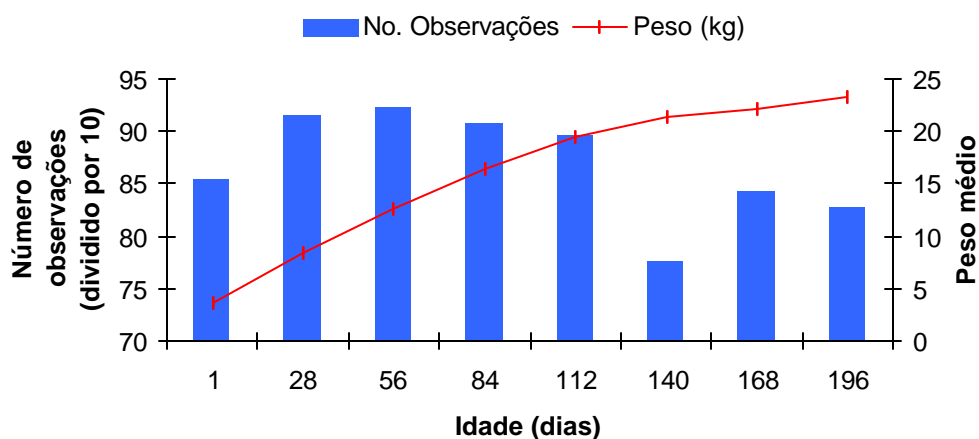


Figura 1 - Número de observações (dividido por 10) e peso médio dos animais de acordo com a idade.

Práticas de manejo e seleção

Durante os 18 anos de coleta dos dados, as práticas de manejo adotadas no rebanho foram relativamente uniformes. Os animais permaneceram em campos de pastagem nativa e nativa melhorada, formadas de capim-buffel (*Cenchrus ciliaris*) e capim-pangola (*Digitaria decumbis*), durante o período de disponibilidade de alimentos. No período de escassez de alimentos, os animais receberam, no cocho, suplementação alimentar à base de silagem, palma forrageira (*Opuntia ficus* sp.), capim-elefante (*Penisetum purpureum*) e uma mistura concentrada, quando necessário, além de suplementação mineral durante todo o ano. O controle sanitário baseou-se em vacinações contra febre aftosa, controle sistemático de ecto e endoparasitas e tratamento clínico da linfadenite caseosa.

Os animais foram submetidos a um período de monta controlada, com duração de 42 a 60 dias, iniciando, normalmente, no mês de outubro, novembro ou dezembro, época seca, fazendo com que o terço final da gestação e parte da lactação coincidisse com a época chuvosa. Nesse período, as ovelhas receberam suplementação alimentar, devido à estacionalidade na produção de forragem. As fêmeas em estro foram identificadas por meio de machos vasectomizados e a monta foi controlada a intervalos de aproximadamente 12 horas, até a não-aceitação do macho por parte da fêmea. Os reprodutores selecionados foram acasalados ao acaso com as ovelhas do rebanho.

A seleção, inicialmente, foi feita enfatizando a conformação dos animais, por meio de avaliações visuais. Posteriormente, reprodutores e matrizes foram selecionados com base na ausência de defeitos, no desenvolvimento e saúde do sistema genital, na conformação dos aprumos, no desempenho reprodutivo e no crescimento das crias. A maioria dos reprodutores foi adquirida de rebanhos particulares, sendo os demais permutados entre outros rebanhos experimentais, os quais permaneciam no rebanho por um período máximo de três anos consecutivos. As ovelhas permaneciam no rebanho até apresentarem algum motivo de descarte, destacando-se a diminuição da fertilidade pós-parto, a inabilidade materna, as enfermidades e a idade.

Modelos e análises

Considerando-se os modelos de regressão aleatória, a forma da curva de crescimento de um indivíduo pode ser estudada por dois conjuntos de regressão dos pesos em função das idades de mensuração. O primeiro está associado com a regressão fixa para todos os cordeiros pertencentes à mesma classe de efeitos fixos, modelando uma trajetória média de crescimento. O segundo conjunto é considerado aleatório, pois descreve os desvios de cada animal em relação à regressão fixa. Uma diferença básica entre os modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória está na inclusão de colunas de covariáveis na matriz de incidência dos efeitos aleatórios, em substituição às colunas de zero e um.

As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, cujas covariáveis foram descritas em termos de polinômios de Legendre, $Cov(u_l, u_m) = f(x_l, x_m) = \sum_{i=0}^{k-1} \sum_{j=0}^{k-1} k_{ij} \mathbf{f}_i(x_l) \mathbf{f}_j(x_m)$, em que \mathbf{f}_j é o $j^{\text{ésimo}}$ ($j=0, \dots, k-1$) polinômio de Legendre e k_{ij} são os coeficientes da função de covariância, ajustando-se dois modelos.

Utilizaram-se dois modelos de análises, variando-se a ordem de ajuste dos polinômios. No modelo 1 ajustou-se uma função polinomial de ordem três (quadrática) e no 2 uma função de ordem quatro (cúbica). Na modelagem dos efeitos fixos e aleatórios dos pesos do nascimento aos 196 dias de idade empregou-se o seguinte modelo geral:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{k_b-1} \mathbf{b}_m \mathbf{f}_m + \sum_{m=0}^{k_a-1} \mathbf{a}_{im} \mathbf{f}_m + \sum_{m=0}^{k_m-1} \mathbf{g}_{im} \mathbf{f}_m + \sum_{m=0}^{k_c-1} \mathbf{p}_{im} \mathbf{f}_m + \mathbf{e}_{ij}$$

em que y_{ij} é o $j^{\text{ésimo}}$ peso do $i^{\text{ésimo}}$ animal; \mathbf{f}_m é o $m^{\text{ésimo}}$ polinômio de Legendre da idade; F_{ij} é um conjunto de efeitos fixos incluídos no modelo (grupo de contemporâneos, formados pelo ano e estação de pesagem, pelo tipo de nascimento, pela idade da ovelha ao parto e pelo sexo da cria); β_m são os coeficientes de regressão fixos para modelar a trajetória média da população; α_{im} , γ_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genético

aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente de animal, respectivamente, que são específicos para cada cordeiro; k_β , k_a , k_m e k_c são as ordens de ajustes dos polinômios correspondentes; e e_{ij} é o efeito aleatório residual.

Os polinômios de Legendre de ordem k ($k=3$, quadrático; e $k=4$, cúbico) foram definidos, de acordo com KIRKPATRICK et al. (1990), pela seguinte fórmula:

$$f_m = \frac{1}{2^k} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{\lfloor k/2 \rfloor} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (a_{ij}^*)^{k-2m}$$

em que a idade (em dias) do animal i , para o peso j observado, foi padronizada, para o intervalo de -1 a 1, da seguinte maneira: $a_{ij}^* = (2(a_{ij} - a_{\min}) / (a_{\max} - a_{\min})) - 1$, tal que a_{\max} e a_{\min} são, respectivamente, a primeira e a última idade do intervalo considerado e os colchetes $\lfloor \cdot \rfloor$ sobre o somatório indicam que o número em seu interior é arredondado para baixo, considerando o valor inteiro mais próximo.

Em termos matriciais, o modelo de análise pode ser descrito como segue:

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{b} + Z_1 \underset{\sim}{a} + Z_2 \underset{\sim}{g} + Z_3 \underset{\sim}{p} + \underset{\sim}{e}$$

em que $\underset{\sim}{y}$ é um vetor de N observações referentes a N_D animais; $\underset{\sim}{b}$ é um vetor de efeitos fixos, incluindo os coeficientes de regressão fixos; $\underset{\sim}{a}$ é um vetor $k_a \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que $N_d > N_D$ denota o número total de animais na análise, incluindo pais sem registros; $\underset{\sim}{g}$ é um vetor $k_m \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos; $\underset{\sim}{p}$ é um vetor $k_c \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente de animal; $\underset{\sim}{e}$ é um vetor de erros aleatórios; X , Z_1 , Z_2 e Z_3 referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de

regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto, materno e de ambiente permanente de animal, respectivamente.

As pressuposições assumidas em relação aos vetores $\underline{\tilde{a}}$, $\underline{\tilde{g}}$, $\underline{\tilde{p}}$ e $\underline{\tilde{e}}$ são de que possuem distribuição normal, com $E(\underline{\tilde{a}}) = E(\underline{\tilde{g}}) = E(\underline{\tilde{p}}) = E(\underline{\tilde{e}}) = \underline{0}$ e $Var(\underline{\tilde{a}}) = K_a \otimes A$, $Var(\underline{\tilde{g}}) = K_m \otimes A$, $Var(\underline{\tilde{p}}) = K_c \otimes I_{ND}$ e $Var(\underline{\tilde{e}}) = I s_e^2$, com as covariâncias nulas entre o vetor $\underline{\tilde{p}}$ e os vetores $\underline{\tilde{a}}$ e $\underline{\tilde{g}}$. K_a , K_m e K_c são as matrizes de variâncias e covariâncias entre coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genéticos aditivos direto, materno e de ambiente permanente de animal, respectivamente; I é uma matriz identidade; s_e^2 é a variância residual; A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright, entre os animais; e I_{ND} é uma matriz identidade.

As equações de modelos mistos são descritas por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}Z_3 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + K_a^{-1} \otimes A^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 & Z_1'R^{-1}Z_3 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + K_m^{-1} \otimes A^{-1} & Z_2'R^{-1}Z_3 \\ Z_3'R^{-1}X & Z_3'R^{-1}Z_1 & Z_3'R^{-1}Z_2 & Z_3'R^{-1}Z_3 + K_c^{-1} \otimes I_{ND} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^o \\ \tilde{\alpha} \\ \tilde{\gamma} \\ \tilde{\hat{p}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \\ Z_3'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

As estimativas de componentes de (co)variância, por meio dos modelos de regressão aleatória, prediz uma matriz (K) que contém variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória. Assim, as variâncias e covariâncias para os efeitos aleatórios são dadas pelo produto da matriz de coeficientes de regressão aleatória K com a matriz de polinômios de Legendre da idade padronizada \mathbf{f}_m , ou seja, $\hat{G} = \mathbf{f}_m K \mathbf{f}_m'$.

Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos dos modelos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando-se o programa DXMRR (MEYER, 1998), empregando o algoritmo livre de derivadas Powell para maximizar o $\log_e L$. O critério de convergência utilizado foi 10^{-9} . Para verificar se um máximo global foi atingido, o programa foi reiniciado várias vezes com as estimativas obtidas nas análises

anteriores, até que as diferenças nos valores do \log_e de L fossem menores que 10^{-6} .

Os modelos com diferentes ordens de ajustes para os polinômios foram comparados pelo logaritmo da função de verossimilhança ($\log_e L$). Esse teste tende a favorecer modelos com maior número de parâmetros (MEYER, 2000); assim, utilizaram-se, também, outros testes baseados em formas de máxima verossimilhança restrita, como o critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), que, segundo ALBUQUERQUE (2003), impõem penalidades de acordo com o número de parâmetros a serem estimados.

Os critérios de informação podem ser definidos como:

$$AIC = -2\log_e L + 2p, \quad e$$

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

em que 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 $\log_e L$ o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (WOLFINGER, 1993). O modelo com menor valor, para ambos os critérios, é considerado o que obteve melhor ajuste. Segundo HUISMAN et al. (2002), o BIC é mais rigoroso que o AIC.

Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análises bicaracterísticas por meio de um modelo animal que incluiu os mesmos efeitos fixos e os efeitos aleatórios genéticos direto e materno.

Comparação entre valores genéticos preditos

Para comparar os valores genéticos e calcular o percentual de animais selecionados em comum, foi considerado o número total de animais na matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (1.257). As correlações de

Pearson e Spearman entre os valores genéticos preditos pelas análises bicaracterísticas e regressão aleatória foram obtidas para os pesos aos 112 (desmama) e 196 dias de idade, por meio do procedimento CORR do SAS[®] (1999).

Resultados e discussão

As estimativas dos valores para o logaritmo da função de verossimilhança e os critérios de informação utilizados para cada modelo estão sumarizados na Tabela 2. Pode-se observar que, quando se aumentou a ordem de ajuste do polinômio, $k=3$ no modelo 1 para $k=4$ no modelo 2, houve aumento no logaritmo da função de verossimilhança e diminuição nos valores de AIC, BIC e variância residual. Aplicando o teste de razão de verossimilhança, verificou-se que o valor calculado foi maior que o valor de qui-quadrado tabelado a 1% de probabilidade. De acordo com esses critérios, o modelo 2 proporcionou melhor ajuste; portanto, seria o mais adequado às avaliações genéticas do crescimento de ovinos Santa Inês. LEWIS e BROTHERSTONE (2002) utilizaram modelos de regressão aleatória na avaliação do crescimento de ovinos Suffolk e verificaram que, ao aumentar a ordem do polinômio de 3 para 5, o ajuste melhorou significativamente.

Tabela 2 – Logaritmo da função de verossimilhança ($\log_e L$), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), variância residual (s_e^2) e número de parâmetros estimados (NP) para cada modelo

Modelos	$\log_e L$	AIC	BIC	s_e^2	NP
1	-7729,8462	15497,6924	15627,7622	1,6380	18
2	-7630,4271	15322,8542	15535,0733	1,4303	30

As estimativas das variâncias genéticas aditivas direta e materna, de ambiente permanente de animal e fenotípicas estão apresentadas na Figura 2. As variâncias genéticas aditivas diretas estimadas por ambos os modelos seguiram a mesma tendência (Figura 2A), aumentando do nascimento aos 196 dias de idade; as variâncias estimadas pelo modelo 2 foram ligeiramente superiores às obtidas pelo modelo 1, a partir dos 84 dias de idade. Estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas crescentes do nascimento aos 150 dias de idade também foram obtidas por LEWIS e BROTHERSTONE (2002).

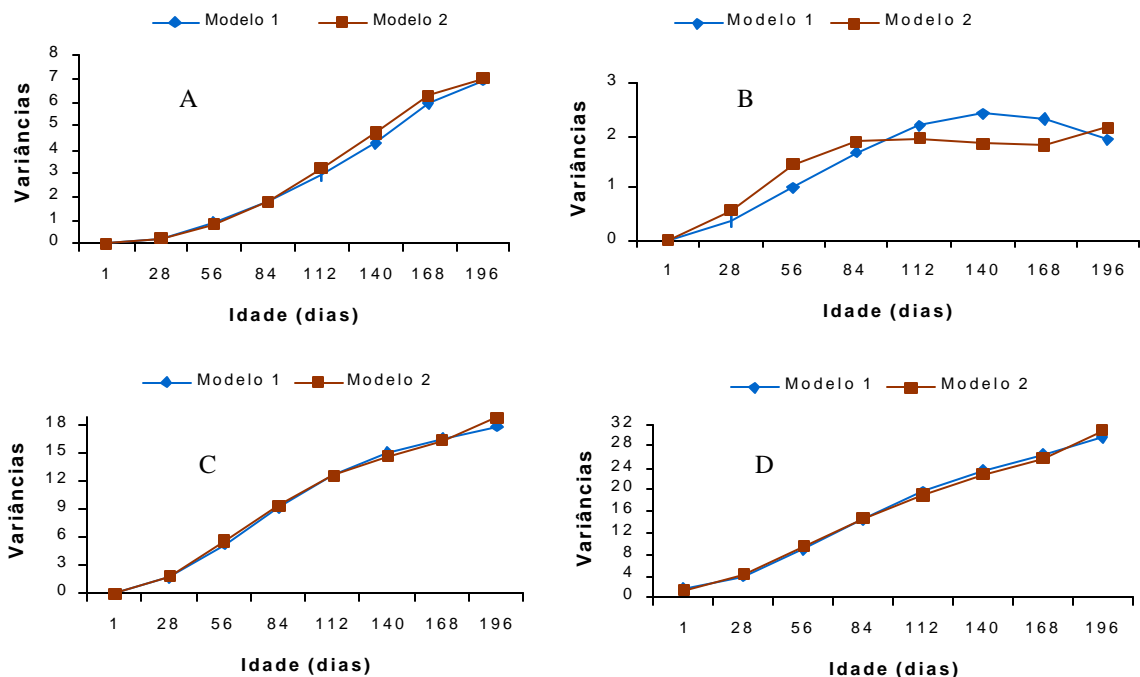


Figura 2 – Estimativas de componentes de variâncias genética direta (A), genética materna (B), ambiente permanente de animal (C) e fenotípicas (D) para os modelos 1 e 2.

As variâncias estimadas pelos dois modelos para o efeito materno foram um pouco diferentes (Figura 2B). As estimativas obtidas pelo modelo 1 foram mais constantes ao longo da trajetória de crescimento, descrevendo, possivelmente, um comportamento biologicamente mais correto para esse efeito, em que as estimativas aumentaram até os 140 dias de idade (primeira medida após a desmama), a partir da qual começaram a decrescer. Já as obtidas pelo modelo 2 aumentaram até os 84 dias, depois diminuíram até os 168, voltando a aumentar aos 196 dias de idade, o que pode não apresentar uma justificativa biológica. Esse comportamento pode ser indicativo de que, para o efeito materno, os polinômios de menor ordem ajustam mais adequadamente seu comportamento ao longo do crescimento de ovinos. LEWIS e BROTHERSTONE (2002), modelando o efeito materno por meio de funções polinomiais de terceira e quinta ordens, verificaram que não houve aumento significativo no logaritmo da função de verossimilhança quando ajustaram a função de quinta ordem.

As variâncias estimadas para o efeito de ambiente permanente de animal (Figura 2C) e fenotípicas (Figura 2D) aumentaram à medida que o animal cresceu e praticamente não houve diferença nas trajetórias obtidas pelos dois modelos.

Na Figura 2 pode-se observar que as variâncias estimadas pelo modelo de maior ordem de ajuste tenderam a ser levemente superiores na última idade do período de crescimento, o que pode não apresentar uma causa biológica. SAKAGUTI (2000) relatou que, ao ajustar funções de ordens mais altas ($k = 6$ e 7), as variâncias estimadas tenderam a apresentar picos nas extremidades da curva. Segundo VAN DER WERF et al. (1998), esse comportamento pode ser causado pela falta de um modelo correto para ajustar todos os componentes de variância. Já segundo STRABEL e MISZTAL (1999), esse comportamento pode ser devido ao menor número de observações no final da curva. Entretanto, MEYER (1999), ao eliminar as observações das últimas idades, verificou que o problema persistiu.

As estimativas de herdabilidade para os efeitos direto e materno e a proporção da variância fenotípica devida à variância de ambiente permanente de animal estão apresentadas na Tabela 3. As estimativas obtidas por ambos os modelos de regressão aleatória para a herdabilidade direta foram bastante semelhantes, aumentando do nascimento aos 196 dias de idade. Usando modelo de regressão aleatória ajustado por meio de polinômios de Legendre de quinta ordem para o efeito aditivo e terceira ordem para o efeito materno, LEWIS e BROTHERSTONE (2002) estimaram herdabilidades para o efeito direto de 0,09, 0,11, 0,14, 0,17, 0,20, 0,22, 0,25, 0,28, 0,31 e 0,33 para os pesos aos 15, 30, 45, 60, 75, 90, 105, 120, 135 e 150 dias de idade, respectivamente, para ovinos de corte da raça Suffolk. Esses autores verificaram a mesma tendência encontrada neste estudo, em que as herdabilidades aumentaram ao longo da trajetória de crescimento. Comportamento semelhante foi observado por NOBRE (2001), estudando o crescimento de bovinos da raça Nelore, em que as herdabilidades aumentaram do nascimento aos 683 dias de idade, variando de 0,10 a 0,33.

Tabela 3 – Estimativas de herdabilidade direta (h_a^2) e materna (h_m^2) e proporção atribuída ao efeito de ambiente permanente de animal (c^2) de acordo com o modelo de análise

Idades	Modelo 1 ^a			Modelo 2 ^b		
	h_a^2	h_m^2	c^2	h_a^2	h_m^2	c^2
Nascer	0,003	0,008	0,003	0,004	0,008	0,004
28	0,06	0,09	0,41	0,06	0,14	0,45
56	0,10	0,11	0,59	0,09	0,15	0,60
84	0,12	0,11	0,64	0,12	0,13	0,64
112	0,15	0,11	0,65	0,16	0,10	0,65
140	0,18	0,10	0,64	0,20	0,08	0,64
168	0,22	0,08	0,62	0,24	0,07	0,63
196	0,28	0,06	0,60	0,28	0,07	0,60

a - Modelo de regressão aleatória ajustado por meio de uma função polinomial quadrática.

b - Modelo de regressão aleatória ajustado por meio de uma função polinomial cúbica.

Apesar do comportamento das variâncias maternas estimadas pelo modelo 2 (Figura 2B), as herdabilidades estimadas por este modelo apresentaram um comportamento que parece ser biologicamente mais aceitável, aumentando até os 56 dias e depois decrescendo com a idade. Como a desmama ocorreu aproximadamente aos 112 dias de idade, os resultados indicam que a contribuição proporcional do efeito materno para a variância fenotípica começou a diminuir antes da idade de desmama. Isso pode ser explicado, provavelmente, pelo fato de que, mesmo estando sob os cuidados maternos, a essa idade os cordeiros já não são tão dependentes da mãe. Aos 196 dias de idade, ainda, houve uma contribuição do efeito materno da ordem de 7% da variação fenotípica, mostrando que esse efeito persiste após a desmama. Não foi possível a comparação da modelagem do efeito materno por meio de regressão aleatória com dados de ovinos, por não terem sido encontrados resultados na literatura consultada. Todavia, ALBUQUERQUE e MEYER (2001), ALBUQUERQUE (2003) e NOBRE et al. (2003) observaram tendência semelhante às encontradas neste estudo, ao avaliarem o crescimento de bovinos de corte.

Estimativas da variância de ambiente permanente de animal como proporção das variâncias fenotípicas (c^2), para ambos os modelos, apresentaram aumento maior do nascimento aos 28 dias de idade, a partir da qual aumentaram levemente até a desmama, tendendo, depois, a decrescer com a idade. ALBUQUERQUE (2003) descreveu comportamento similar para

esse efeito em dados de bovinos da raça Nelore. Esses resultados mostram que a variância de ambiente permanente de animal é função da idade, ou seja, varia ao longo da trajetória de crescimento. SAKAGUTI (2000) verificou que, ao ajustar esse efeito por meio de uma função linear, as estimativas de herdabilidade para efeito direto foram mais coerentes do que as estimadas por um modelo que manteve esse efeito homogêneo ao longo da curva de crescimento. Dessa forma, funções contínuas devem ser empregadas no ajuste desse efeito.

O comportamento das estimativas de herdabilidades para o efeito direto obtidas pelas análises bicaracterísticas e de regressão aleatória pode ser observado na Figura 3. Enquanto as estimativas obtidas pelas análises bicaracterísticas decresceram do nascimento aos 196 dias de idade, as obtidas pelos modelos de regressão aleatória aumentaram. Com exceção do peso ao nascimento, as estimativas de herdabilidade direta obtidas pelo modelo de regressão aleatória foram todas superiores às obtidas pelas análises bicaracterísticas. NOBRE et al. (2003), analisando a curva de crescimento de bovinos da raça Nelore, usando modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória, observaram comportamento diferente para herdabilidade estimada pelas duas metodologias. Enquanto as herdabilidades estimadas pela regressão aleatória aumentaram do nascimento aos 683 dias, as estimadas pelas análises multicaracterísticas decresceram até os 333 dias, aumentando em seguida com a idade.

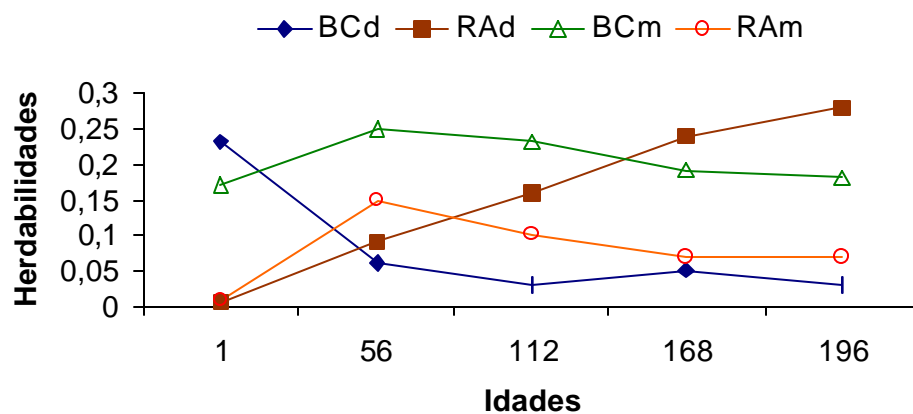


Figura 3 – Estimativas de herdabilidade direta (d) e materna (m) por meio do modelo bicaracterísticas (BC) e do modelo 2 de regressão aleatória (RA) para idades selecionadas.

As herdabilidades para efeito materno estimadas pelos modelos de regressão aleatória tenderam a apresentar o mesmo comportamento das obtidas nas análises bicaracterísticas ao longo da trajetória de crescimento, porém foram de menor magnitude. Como se pode observar na Figura 3, a contribuição do efeito materno aumentou do nascimento aos 56 dias de idade e, a partir desse ponto, decresceu com a idade; para todas as idades em que as duas metodologias foram comparadas, as estimativas obtidas pelas análises bicaracterísticas foram maiores.

Ao comparar as trajetórias dos efeitos direto e materno modelados pela regressão aleatória, constatou-se um comportamento que parece ser biologicamente mais correto, em que a contribuição do efeito materno foi maior que a do efeito direto no período que antecede a desmama. Observa-se na Figura 3 que, após os 56 e antes dos 112 dias de idade, a contribuição do efeito materno decresce e a do efeito aditivo direto aumenta, o que seria esperado, pois, à medida que o cordeiro cresce, torna-se mais independente da mãe. Já ao observar as estimativas de herdabilidade direta e materna obtidas pelas análises bicaracterísticas, não se verificou esse comportamento. Com exceção do peso ao nascer, a herdabilidade do efeito materno foi maior que a do efeito direto para os pesos em todas as idades.

Esses resultados podem indicar que o modelo bicaracterística, provavelmente em razão do baixo número de observações usadas, não foi eficiente em separar os efeitos genéticos direto e materno. Nesse tipo de análise assume-se que os pesos nas diferentes idades são características diferentes. Como o número de observações para cada peso foi pequeno, pode ter havido confundimento entre os efeitos genéticos direto e materno, mesmo usando informações de duas características. Já quando os dados foram tratados como longitudinais, em que as pesagens nas diferentes idades foram consideradas como medidas repetidas do peso, o número de observações passou de aproximadamente 900, em cada característica, para 6.945 registros de pesos, confirmando uma das vantagens dessa metodologia para análise de dados que são função da idade: a potencialização do número de informações por animal. Enquanto nas análises bicaracterísticas foram utilizadas duas informações por animal, nas análises por meio dos modelos de regressão

aleatória os animais tinham no mínimo três e no máximo oito informações de seu peso - aproximadamente 70% dos animais tinham as oito pesagens.

Com base nos resultados apresentados na Figura 3 e considerando o aumento no número de informações nas análises por meio dos modelos de regressão aleatória, acredita-se que essa metodologia tenha sido mais eficiente para modelar os efeitos aleatórios, assim como na partição dos efeitos genéticos direto e materno, o que mostra que algum confundimento pode acontecer na separação desses efeitos, dependendo do número de informações utilizadas e da metodologia empregada.

As estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre os pesos do nascimento aos 196 dias de idade estão apresentadas na Tabela 4. As correlações entre o peso ao nascimento e os demais pesos mostraram comportamento diferente das correlações entre os outros pesos, sendo baixas e negativas com os pesos aos 28 e 56 dias e positivas com os demais, apresentando tendência de aumento até 140 dias e depois decrescendo até os 196 dias de idade. Já as correlações entre os outros pesos variaram de 0,76 a 0,99, sendo mais altas entre idades adjacentes e decrescendo com o aumento de tempo entre estas.

As estimativas de correlações genéticas foram diferentes das obtidas pelas análises bicaracterísticas, em que quase todas as correlações entre as idades foram iguais à unidade. Diferentemente dos resultados encontrados neste estudo, ALBUQUERQUE (2003) verificou que as estimativas de correlações genéticas entre os pesos obtidas pelos modelos de regressão aleatória foram praticamente iguais às obtidas com análises bicaracterísticas. A correlação estimada pelo modelo de regressão aleatória, neste estudo, entre os pesos ao nascer e 112 dias de idade (0,37) foi praticamente igual à obtida por SOUSA et al. (1999), porém as estimadas entre os pesos ao nascer e 196 dias e 112 e 196 dias foram bastante diferentes; já as obtidas por BOUJENANE e KANSARI (2002) foram mais próximas às estimadas no presente trabalho.

Tabela 4 – Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre as idades consideradas, obtidas pelo modelo 2 de regressão aleatória

Idades	Nascer	28	56	84	112	140	168	196
Nascer		-0,25	-0,01	0,22	0,37	0,43	0,39	0,22
28	-0,003		0,96	0,87	0,79	0,76	0,77	0,79
56	0,006	0,74		0,97	0,92	0,89	0,87	0,82
84	0,01	0,74	0,86		0,98	0,96	0,93	0,83
112	0,02	0,71	0,84	0,90		0,99	0,95	0,83
140	0,03	0,68	0,82	0,88	0,92		0,98	0,87
168	0,03	0,65	0,78	0,85	0,89	0,92		0,95
196	0,02	0,61	0,72	0,77	0,81	0,86	0,91	

À exceção das correlações entre o peso ao nascer e os demais pesos, as correlações genéticas estimadas por ambos os modelos foram altas e positivas.

A maioria dos trabalhos encontrados na literatura nacional, que apresentaram estimativas de correlações genéticas entre pesos em determinadas idades em ovinos, utilizaram o método dos quadrados mínimos e não levaram em consideração os efeitos maternos. Em geral, essas estimativas foram de moderadas a altas e positivas, variando de 0,33 a 0,92 (SILVA et al., 1993, 1996; SILVA e ARAÚJO, 2000).

As correlações fenotípicas estimadas entre os pesos tenderam a ser maiores entre idades mais próximas; entretanto, esse comportamento não foi verificado entre o peso ao nascer e os demais pesos. Como se pode observar na Tabela 4, as correlações entre o peso ao nascer e os outros pesos foram baixas, enquanto as correlações entre os demais pesos foram mais altas e positivas, variando de 0,61 a 0,92. Similarmente, as correlações fenotípicas estimadas entre o peso ao nascer e os outros pesos nas análises bicaracterísticas foram menores que as demais correlações, porém foram mais altas que as obtidas pelos modelos de regressão aleatória. Contudo, as correlações entre os demais pesos, nas análises bicaracterísticas, foram de menor magnitude que as obtidas com os modelos de regressão aleatória, variando de 0,38 a 0,55.

Comparação entre os valores genéticos preditos

As correlações entre os valores genéticos dos animais obtidos com análises bicaracterísticas e regressão aleatória estão apresentadas na Tabela 5. Observa-se que tanto as correlações de Spearman quanto as de Pearson estimadas entre os valores genéticos provenientes das análises bicaracterísticas e regressão aleatória foram baixas para ambas as características. Esses resultados sugerem que os dois modelos podem não levar à seleção dos mesmos animais como os melhores. Correlações variando de 0,64 a 87 foram obtidas por ALBUQUERQUE (2003) entre valores genéticos preditos por meio de análises bicaracterísticas e de regressão aleatória para características do nascimento aos 550 dias de idade. De acordo com NOBRE et al. (2002), baixas correlações verificadas entre valores genéticos podem ser resultantes das diferenças entre os parâmetros genéticos estimados pelos modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória. Meyer (2002), citado por ALBUQUERQUE (2003), observou em estudos de simulação que os modelos de regressão aleatória obtiveram maior acurácia, medida pela correlação dos valores estimados com os simulados, quando comparados a um modelo multicaracterística. Segundo essa autora, essa vantagem pode ser atribuída à melhor modelagem das variâncias e dos parâmetros genéticos estimados pelos modelos de regressão aleatória.

Tabela 5 – Correlações de Spearman e de Pearson entre os valores genéticos preditos por meio de análises bicaracterísticas e de regressão aleatória para peso aos 112 (P112) e 196 (P196) dias de idade, considerando todos os animais avaliados

Características	Correlações	
	Spearman	Pearson
P112	0,22	0,17
P196	0,35	0,30

Na Tabela 6 estão apresentados o número e a percentagem de animais que seriam selecionados em comum pelos dois modelos, aplicando-se intensidades de seleção diferentes. Selecionando-se 20% dos melhores animais com base nos valores genéticos preditos por ambos os modelos,

seriam coincidentes 34,8 e 39,2% para os pesos aos 112 e 196 dias de idade, respectivamente. Essa coincidência foi menor quando se aumentou a intensidade de seleção, ou seja, quando foram selecionados 10% dos melhores animais, apenas 18,4 e 24,8%, para os mesmos pesos, seriam selecionados por ambos os modelos. Já quando se selecionou apenas 1% dos melhores animais, não houve coincidência entre os animais selecionados. Esses resultados mostraram que houve completa mudança na classificação dos animais, o que pode ter importância prática, isto é, os melhores animais selecionados por um modelo não foram os melhores no outro.

Tabela 6 – Número de animais que seriam selecionados em comum entre os melhores 20%, 10% e 1% dos animais usando-se os valores genéticos para peso aos 112 e 196 dias de idade, obtidos por análises bicaracterísticas e regressão aleatória, como critérios de seleção

Características	% de animais selecionados em comum		
	20% (250 animais)	10% (125 animais)	1% (12 animais)
P112	34,8% (87)	18,4% (23)	0% (0)
P196	39,2% (98)	24,8% (31)	0% (0)

Usando os modelos de regressão aleatória, os valores genéticos podem ser preditos para qualquer idade dentro do período de crescimento considerado, além de não necessitar de ajustes para idade e considerar os efeitos ambientais específicos do dia da pesagem. Nos modelos multicaracterísticas os valores genéticos preditos são pontuais, ou seja, apenas para as idades em que os pesos forem medidos. Assim, espera-se que os modelos de regressão aleatória estimem parâmetros genéticos e possam prever os valores genéticos dos animais de forma mais acurada que os modelos bicaracterísticas.

Com base nos resultados obtidos, é de fundamental importância a realização de novos estudos envolvendo maior número de observações, como também usando dados simulados, o que poderia ajudar numa comparação mais precisa, permitindo inferir com maior acurácia os resultados obtidos entre os dois modelos estudados.

Conclusões

As herdabilidades estimadas para o efeito genético aditivo direto usando modelos de regressão aleatória ajustados por polinômios cúbicos de Legendre foram baixas e aumentaram do nascimento aos 196 dias de idade, indicando que a seleção resultará em pequenos ganhos genéticos.

O efeito materno contribuiu para a variância fenotípica dos pesos nas várias idades, evidenciando que este efeito deve ser considerado no estudo de crescimento de ovinos deslanados, mesmo em idades após o desmame.

As baixas correlações de ordem e entre os valores genéticos preditos indicam que houve alterações expressivas na classificação dos animais com base nos valores genéticos preditos pelos modelos de regressão aleatória e bicaracterística.

O modelo de regressão aleatória modelou os efeitos genéticos direto e materno mais adequadamente que o modelo bicaracterística.

Referências Bibliográficas

- ALBUQUERQUE, L.G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. Jaboticabal: UNESP, 2003. 83p. Tese (LIVRE-DOCENTE)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. 2003.
- ALBUQUERQUE, L.G; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- BOUJENANE, I.; KANSARI, J. Estimates of (co)variances due to direct and maternal effects for body weights in Timahdite sheep. **Animal Science**, v.28, p.409-414, 2002.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MARTINEZ, M.L. et al. Estimation of genetic parameters for test day milk records of first lactation Gir cows in Brazil using random regression. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002, 1 CD-ROM.
- 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.M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.575-582, 2002.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal Dairy Science**, v.80, n.6, p.1217-1226, 1997.
- 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.
- LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.
- MEYER, K. DXMRR – a program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Amidale. **Proceedings...** Amidale, 1998. CD-ROM.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal Animal Breeding Genetic**, 116(3):181-203, 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.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.
- NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for pre-weaning weight traits in Dorper sheep. **Small Ruminant Research**, v.40, p.197-202, 2001.
- NOBRE, P.R.C. **Analyses of sequential weights of Nelore cattle using multiple trait and random regression models**. Viçosa; UFV, 2001. 145p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa. 2001.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Genetic evaluation of growth in beef cattle with random regression model. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002, 1 CD-ROM.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J.K.; SILVA, L.O.C.; LOPES, P.S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.
- NOTTER, D.R. Genetic parameters for growth traits in Suffolk and Polypay sheep. **Livestock Production Science**, v.55, p.205-213, 1998.
- OLIVEIRA, S.M.P.; FONSECA, C.G.; PEREIRA, C.S. et al. Estimativas de componentes de covariância e de parâmetros genéticos da curva de lactação através do modelo de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa. **Anais...** Viçosa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2000, CD-ROM. Melhoramento Animal.
- SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariância e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. Viçosa; UFV, 2000. 81p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; MARTINS, E.N. et al. Trajetória de crescimento e efeito da idade da vaca nos modelos de regressão aleatória de bovinos jovens da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.54, n.4, 2002.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; BREDA, F.C. et al. Parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle de cabras mestiças por meio de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40, 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003, CD-ROM. Melhoramento Animal.
- SAS STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. 1999. **User's guide**: Statistics. Version 8.0, NC; SAS Institute.

- SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: **Proceedings** 5th world congress genetic applied livestock production. Guelph, ON, Canada, p.443-446, 1994.
- SILVA, F.L.R.; ARAÚJO, A.M. Características de reprodução e de crescimento de ovinos mestiços Santa Inês, no Ceará. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1712-1720, 2000.
- SILVA, F.L.R.; FIGUEIREDO, E.A.P.; SIMPLÍCIO, A.A. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos de características de crescimento de desmame de cordeiros Santa Inês, no Estado do Ceará. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.5, p.845-852, 1996.
- SILVA, F.L.R.; MILAGRES, J.C.;LIMA, F.A.M. et al. Efeito de fatores genéticos sobre o crescimento pré-desmama em cordeiros mestiços Santa Inês, no Estado do Ceará. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, n.5, p.627-633, 1993.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos para características de reprodução por intermédio de modelos lineares e de limiar. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2237-2247, 2000.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1252-1262, 1999.
- STRABEL, T.; MISZTAL, I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. **Journal Dairy Science**, v.82, p.2805-2810, 1999.
- VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal Dairy Science**, v.81, p.201-209, 1998.
- VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal Dairy Science**, v.81, p.3300-3308, 1998.
- WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Commun. Statist.**, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

Resumo e conclusões

As informações de 927 cordeiros da raça Santa Inês, controlados de 1983 a 2000, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB), foram utilizadas para estimar parâmetros genéticos para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e prever os valores genéticos dos animais por meio de análises bicaracterísticas e de regressão aleatória para pesos em diferentes idades. Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos direto e materno para os pesos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, sob modelo animal, por meio de análises unicaracterísticas para testar três modelos de análises, com o intuito de determinar o mais apropriado para descrever as características estudadas, o qual foi utilizado nas análises bicaracterísticas e de regressão aleatória. De acordo com o teste de razão de verossimilhança, o modelo que incluiu o efeito aditivo mais o materno foi o escolhido para todas as características estudadas. A não-inclusão do efeito materno no modelo de análise superestimou as herdabilidades para o efeito direto. A importância do efeito materno diminuiu ao longo da trajetória de crescimento, à medida que os cordeiros se tornavam menos dependentes da mãe. As herdabilidades estimadas nas análises bicaracterísticas para o efeito genético direto foram superiores às obtidas pelas análises unicaracterísticas e tenderam a decrescer do nascimento aos 196 dias de idade, variando de 0,23 a 0,03. Com base no logaritmo da função de verossimilhança e nos critérios de informação AIC e BIC, o modelo de regressão aleatória com polinômio de Legendre cúbico proporcionou melhor ajuste que o quadrático; portanto, seria o mais adequado às avaliações genéticas do crescimento de ovinos Santa Inês. As herdabilidades estimadas por esse modelo aumentaram do nascimento aos 196 dias de idade (0,004 a 0,28) e tenderam a ser mais baixas nas idades em que as estimativas do efeito materno foram mais altas. As herdabilidades para o efeito materno estimadas

pelos modelos bicaracterísticas e de regressão aleatória aumentaram do nascimento aos 56 dias, decrescendo em seguida com a idade, tendendo a apresentar o mesmo comportamento, porém as estimadas pelos modelos de regressão aleatória foram de menor magnitude. Esses resultados podem indicar que as análises bicaracterísticas não foram eficientes em separar os efeitos genéticos direto e materno. Já quando os dados foram tratados como longitudinais, em que as pesagens nas diferentes idades foram consideradas como medidas repetidas, nos modelos de regressão aleatória observou-se melhor aproveitamento das informações, quando comparado às análises bicaracterísticas. As correlações genéticas estimadas por ambos os modelos tenderam a ser altas e positivas. As baixas correlações de Spearman e Pearson estimadas entre os valores genéticos provenientes das análises bicaracterísticas e de regressão aleatória sugerem que a utilização de um dos dois modelos para avaliação pode não levar à seleção dos mesmos animais como os melhores, o que pode limitar os ganhos genéticos. As herdabilidades estimadas por meio das análises bicaracterísticas sugerem que estas permitem obter estimativas mais acuradas, comparadas às obtidas nas análises unicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas obtidas pelo modelo de regressão aleatória foram biologicamente mais coerentes quando comparadas àquelas obtidas pelo modelo bicaracterística. No entanto, estudos adicionais envolvendo maior número de informações, como também dados simulados, devem ser realizados, com o objetivo de avaliar com maior acurácia os resultados obtidos por ambos os modelos.