

VALÉRIA ROSADO PINHEIRO

**REGRESSÃO ALEATÓRIA NA DETECÇÃO DE QTL PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE SUÍNOS**

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

**VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2012**

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

T

P654r
2012

Pinheiro, Valéria Rosado, 1982-

Regressão aleatória na detecção de QTL para características de crescimento de suínos / Valéria Rosado Pinheiro. – Viçosa, MG, 2012.

x, 95f. : il. ; 29cm.

Inclui apêndice.

Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Suíno - Genética. 2. Regulação de expressão gênica.
3. Locos de caracteres quantitativos. 4. Marcadores genéticos.
5. Suíno - Crescimento - Métodos estatísticos. 6. Análise de regressão. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 636.40821

VALÉRIA ROSADO PINHEIRO

**REGRESSÃO ALEATÓRIA NA DETECÇÃO DE QTL PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE SUÍNOS**

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

APROVADA:24 de fevereiro de 2012.

Marcos Deon V. de Resende
(Coorientador)

Carlos Souza do Nascimento

Paulo Roberto Cecon

Moyses Nascimento

Fabyano Fonseca e Silva
(Orientador)

Aos meus pais

“Adoramos a perfeição, porque não a podemos ter; repugná-la-íamos, se a tivéssemos. O perfeito é desumano, porque o humano é imperfeito.”
(Fernando Pessoa)

AGRADECIMENTOS

Ao professor e orientador Fabyano Fonseca e Silva aos coorientadores Cosme Damião Cruz, Marcos Deon Vilela de Resende e Simone Eliza Facioni Guimarães, minha gratidão pelo esforço, por disponibilizar seu tempo e dedicação ao compartilhar seus conhecimentos, tornando meus ideais realizações.

Agradeço a participação dos membros convidados, professor Moyses Nascimento, Paulo Roberto Cecon, Carlos Souza do Nascimento e Marcos Deon Vilela de Resende por terem aceitado participar e por confiarem na honestidade de nosso trabalho.

Mesmo diante das dificuldades, lutei e cresci. Por tudo isso, minha gratidão, sabendo que uma nova jornada começa.

A Chang Kuo Rodrigues que mesmo a distancia mostrou-se disposta a me auxiliar em momentos de duvidas compartilhando seu conhecimento e fazendo algumas correções, sempre que possível apresentou palavras de incentivo que me confortaram durante este processo, deixo meu agradecimento.

Minha eterna gratidão aos meus pais vai além de meus sentimentos, pois cumpriram o dom divino: o de ser Pai, o de ser Mãe.

Aos professores que compartilharam os nossos ideais, incentivando-nos a prosseguir na tentativa de acertar.

A todos familiares, que me acompanharam durante toda essa jornada, apoiando-me e confortando nos momentos mais difíceis com seu carinho e amor.

A todos os amigos que me incentivaram, direta ou indiretamente, a tornar esse trabalho realidade.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	vi
LISTA DE TABELA.....	vii
APÊNDICES.....	viii
RESUMO.....	ix
ABSTRACT.....	x
INTRODUÇÃO.....	1
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
MATERIAIS E MÉTODOS.....	8
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	14
CONCLUSÕES.....	16
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	17

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1	Escolha das posições nas quais os modelos com e sem QTL serão comparados mediante teste de razão de verossimilhanças. As setas indicam as posições dos marcadores.....	24
FIGURA 2	Herdabilidades devidas ao efeito de QTL calculadas ao longo da curva de crescimento de suínos (F2 Comercial x Piau) via função de covariância.....	24

LISTA DE TABELA

TABELA 1	Teste RV^1 para verificação do efeito significativo de QTL considerando diferentes modelos de regressão aleatória (RA0, RA1, RA2 e RA3) para cada posição do cromossomo 7.....	23
----------	--	----

APÊNDICES

APÊNDICE A – Aplicação da matriz IBD e sua inversa.....	25
APÊNDICE B – Polinômios ortogonais de Legendre.....	63
APÊNDICE C – Programas utilizados.....	list

RESUMO

PINHEIRO, Valéria Rosado, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Regressão aleatória na detecção de QTL para características de crescimento de suínos.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva. Coorientadores: Cosme Damião Cruz, Marcos Deon Vilela de Resende e Simone Eliza Facione Guimarães.

Muitos estudos são voltados para a busca de QTL (locos de características quantitativas) que afetam características de crescimento em suínos, sendo que a quase totalidade tem encontrado QTL com efeitos significativos. No entanto, a maioria destes estudos utiliza informações referentes a peso corporal em idades específicas ou ganho de peso médio. Dessa forma, torna-se interessante avaliar simultaneamente todas as informações de crescimento sob o enfoque de dados longitudinais. O presente trabalho tem como objetivo utilizar modelos de regressão aleatória (MRA) com o intuito de detectar QTL para características de crescimento em suínos de uma população F2 Piau x Comercial. Para tanto, considerou-se MRAs com efeitos aleatórios poligênico, de ambiente permanente e de QTL, sendo a matriz de covariância associada a este último denominada de IBD (*identical-by-descent*). A presença de um QTL com efeito significativo foi verificada mediante teste de razão de verossimilhanças considerando o modelo descrito como sendo o completo e o mesmo sem o efeito de QTL como sendo o modelo nulo. As comparações entre estes modelos foram realizadas nas posições dos marcadores (6 marcadores microssatélites) e nas posições entre marcadores. Na posição com maior evidência de efeito de QTL foi calculada a herdabilidade e os valores genéticos poligênicos e de QTL para peso em todo o período de crescimento estudado. Os resultados mostraram um efeito significativo de QTL na posição 65 do cromossomo 7.

ABSTRACT

PINHEIRO, Valeria Rosado, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2012. **Random regression to detect QTL for growth traits in swine.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva. Co-Advisers: Cosme Damião Cruz, Marcos Deon Vilela de Resende and Simone Eliza Facione Guimarães.

Many studies are focused on the search for QTL(*quantitative trait loci*) that affects growth traits in swine, and almost all studies have found QTL with significant effects. However, most of these studies use information related to the body weight on specific ages or average weight gain. Thus, it becomes interesting to evaluate all the growth information with the focus on longitudinal data simultaneously. This study aims to use random regression models (RRM) in order to detect QTL (quantitative trait loci) for growth traits in swine from a population F2 Piau x Commercial. To this end, it was considered a RRM with random polygenic effects, permanent environment and QTL, being the covariance matrix associated with the latter known as IBD (identical-by-descent). The presence of a significant QTL was found by likelihood ratio test considering the model described above as being the complete and this same without the QTL effect as null model. Comparisons between these models were made at the positions of the markers (6 microsatellite markers) and at positions between markers. In the position with greater evidence of QTL effect was calculated the heritability and the genetic polygenic and QTL values for body weight throughout the growth period studied. The results showed a significant effect of QTL at position 65 of chromosome 7.

INTRODUÇÃO

Dentre as espécies de animais domésticos de interesse zootécnico, a suína é certamente uma das que mais tem se beneficiado do grande progresso no conhecimento do genoma, e isto tem se verificado pelos investimentos diretos em pesquisas e pela rápida conversão dos conhecimentos adquiridos em ferramentas aplicadas à seleção.

Muitos estudos são voltados para a busca de QTL (locus de características quantitativas) que afetam características de crescimento em suínos (PIRES et al., 2006, EDWARDS et al., 2008, dentre outros), sendo que a quase totalidade tem encontrado QTL com efeitos significativos (PIG QTL DATABASE, 2012). No entanto, a maioria destes estudos utilizam informações referentes a peso corporal em idades específicas ou ganhos de peso médio. Dessa forma, torna-se interessante avaliar simultaneamente todas as informações de crescimento em diferentes tempos, ou seja, sob o enfoque de dados longitudinais. Recentemente, Edwards et al. (2008) utilizaram a metodologia de modelos de regressão com coeficientes aleatórios em conjunto com informações moleculares para modelar o crescimento de suínos de uma população F2 composta por animais Duroc x Pietrain, e obtiveram um total de 22 QTL identificados ao nível de 5% de probabilidade de erro tipo I. Tendo em vista o sucesso de tal metodologia, Lund et al. (2008) também apresentaram uma proposta de análise de QTL para características longitudinais baseada em modelos de regressão aleatória com efeito aleatório de QTL. Os autores verificaram, via simulação de dados, que esta abordagem longitudinal foi capaz de ajustar as funções de covariância e melhorou consideravelmente o poder de detecção de efeitos QTL variáveis no tempo em comparação com o modelo tradicional uni-variado (ajustado separadamente em cada tempo). Isto foi confirmado por uma análise dos dados de produtividade de proteína em bovinos de leite, onde o modelo foi capaz de detectar QTL com efeito elevado, quer no início ou no final da lactação, que não foram detectados com um simples modelo cujo fenótipo foi o teor de proteína na produção total de leite aos 305 dias.

Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi ajustar modelos de regressão aleatória (MRA) com efeito de QTL a dados de crescimento de suínos F2 Piau (raça nativa brasileira) X comercial visando a identificação de genes de grande efeito. Para tanto, considerou-se um MRA com efeitos aleatórios poligênicos, de ambiente

permanente e de QTL, sendo a matriz de covariância associada a este último denominada de IBD (*identical-by-descent*).

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Análise de QTL para características quantitativas longitudinais

QTL (*quantitative trait loci*) são locos ou segmentos cromossômicos que governam as características quantitativas, mas essa definição refere-se apenas a uma associação estatística entre uma região do genoma e um caráter fenotípico (Resende, 2008). Segundo Liu (1998), QTL são genes localizados no genoma com efeitos genéticos aditivo, dominância e, ou epistático, significativos.

As características longitudinais são aquelas que foram mensuradas várias vezes durante a vida do animal. Kirkpatrick & Herckman (1989) definem as características longitudinais como aquelas em que o fenótipo do indivíduo pode ser descrito por uma função, em vez de um número finito de mensurações.

Segundo Yang et al. (2006), o mapeamento de QTL para características longitudinais pode ser realizado de duas maneiras: por meio de modelos multivariados que consideram as variáveis medidas em cada tempo como variáveis diferentes, de forma que o mapeamento seja feito para cada uma destas separadamente, ou por meio do que o autor denomina de análise funcional, na qual são usados modelos que descrevem a trajetória da característica ao longo do tempo, fazendo-se o mapeamento de QTL para parâmetros que representam todas as medidas conjuntamente.

Em relação à análise de crescimento animal, Yang et al. (2006) comentam que, ao se utilizar os modelos multivariados, não é possível capturar informações a respeito do processo de crescimento como um todo, ficando este restrito a tempos específicos nos quais se realizaram as avaliações. Entretanto, a análise funcional pode detectar QTL que afeta a trajetória do crescimento em todo o período considerado. Segundo estes autores, a análise funcional pode ser realizada em duas etapas. Na primeira, ajustam-se modelos matemáticos para descrever as curvas de crescimento, os quais apresentam parâmetros com interpretação biológica para o processo de crescimento, e, na segunda, utilizam-se modelos lineares usuais para realizar mapeamento de QTL para estes parâmetros. Dentre alguns estudos que utilizaram esta metodologia, pode-se citar Rodriguez-Zaz et al. (2002).

Wu et al. (2002) propuseram melhoras para a análise funcional, pois, segundo estes autores, os erros na estimação dos parâmetros na primeira fase não são considerados no modelo de identificação de QTL implícito na segunda fase. Tais

melhorias foram caracterizadas pela utilização de métodos que possibilitaram a estimação simultânea dos parâmetros dos modelos e dos efeitos de QTL.

Em relação a utilização de modelos matemáticos para descrever trajetórias longitudinais de variáveis de interesse zootécnico como produção de leite e crescimento, Albuquerque (2004) comenta que, embora seja possível utilizar os parâmetros destes modelos como características de seleção, esta é uma alternativa que raramente tem sido implementada na prática por grandes programas de melhoramento de gado de corte ou leite.

Macgregor et al. (2005) , em trabalho pioneiro, associou a análise funcional e QTL com modelos de regressão aleatória. Neste estudo os autores comparam, via técnicas de simulação de dados, a qualidade deste modelo em relação aos modelos de componente de variância multivariado completo e o de repetibilidade e relataram que o modelo de regressão aleatória com função de covariância (MRA/FC) apresentou bons resultados. Yang et al. (2006) compararam a metodologia proposta por Macgregor et al. (2005) com a de Wu et al. (2002) e de acordo com resultados de simulação de dados, concluíram que o modelo MRA/FC é mais geral e mais flexível no mapeamento de QTL para características medidas longitudinalmente.

Lund et. al. (2008) também apresentaram uma proposta de análise de QTL para características longitudinais baseada em modelos de regressão aleatória com efeito aleatório de QTL. Os autores verificaram, via simulação de dados, que esta abordagem longitudinal foi capaz de ajustar as funções de covariância e melhorou consideravelmente o poder de detecção de efeitos QTL variáveis no tempo em comparação com o modelo tradicional uni-variado (ajustado separadamente em cada tempo). Isto foi confirmado por uma análise dos dados de produtividade de proteína no leite em bovinos, onde o modelo foi capaz de detectar QTL com efeito elevado, quer no início ou no final da lactação, que não foram detectados com um modelo simples cujo fenótipo foi produção total de proteína no leite aos 305 dias de lactação.

Regressão aleatória

Modelos de Regressão Aleatória (MRA) têm sido propostos como alternativa na avaliação genética animal com dados longitudinais (Schaeffer, 2004). Em contraste com os modelos de componente de variância multivariados, que fornecem previsões para

determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento ou lactação como um todo, para qualquer ponto desejado na escala de tempo utilizada e para funções da curva. Os MRA também possibilitam a obtenção de estruturas de covariâncias entre as diferentes medições através de funções de covariância para os efeitos aleatórios de interesse (El Faro & Albuquerque, 2003).

De acordo com Albuquerque (2004) ao se utilizar o MRA, ajusta-se uma curva de regressão fixa para levar em conta a tendência média da população e, no mínimo, mais duas equações de regressão aleatória, para o efeito genético direto e para o ambiente permanente de animal, uma vez que existem medidas repetidas. A curva genética de cada animal é predita como um desvio da curva média, considerada como fixa. Desta forma, em lugar de valores genéticos para determinados pontos da curva (idades padrão), são obtidos valores genéticos para os coeficientes de regressão genéticos. A partir dos coeficientes de regressão aleatórios, pode-se descrever a curva de crescimento genética do animal; encontrar DEP's (diferença esperada na progênie) para qualquer idade desejada, mesmo para idades em que o animal não tenha sido medido, desde que esta esteja dentro da amplitude de idades existente nos dados, e examinar funções da curva de crescimento ou lactação como taxa de crescimento entre duas idades ou persistência da lactação.

Vários trabalhos têm sido desenvolvidos utilizando modelos de regressões sobre polinômios de Legendre. Estes modelos não requerem pressuposição alguma sobre a forma da curva de crescimento, entretanto, algumas pesquisas tem reportado que os mesmos requerem ajuste de alto grau, conseqüentemente, faz-se necessário a estimação de grande número de parâmetros. Outro aspecto importante relacionado com as altas ordens polinomiais, comumente ajustadas em análises de regressão aleatória, é que, notoriamente, apresentam comportamento irregular (as covariâncias apresentam superfícies sinuosas), ou seja, podem resultar em estimativas irreais e problemas de convergência, em particular nos limites da amplitude de idades consideradas (Meyer, 2003). Todavia, Meyer (2004) comenta que problemas observados na estimação de componentes de covariância para modelos de regressão aleatória podem ser minimizados se maior proporção de animais tiverem número mínimo de observações igual a ordem do polinômio a ser ajustado para os efeitos de animal.

Polinômios de Legendre

O surgimento da primeira família de polinômios ortogonais se remonta no final do século XVIII em relação às trajetórias planetárias. Legendre em 1782 descobriu a primeira família de polinômios ao integrar a equação para calcular o componente radial do vigor de atração e verificar se poderia expressá-la mediante uma série de potências de r'/r da forma $r^{-2} \{1 + 3P_2(\cos\gamma)(r'/r)^2 + 5P_4(\cos\gamma)(r'/r)^4 + \dots\}$. As funções P_2, P_4, \dots são funções racionais inteiras de $\cos\gamma$, que hoje são conhecidas como polinômios de Legendre. Em 1787 Legendre fez a dedução de algumas propriedades das funções

$P_{2n}(x)$ como a ortogonalidade: $\int_0^1 P_{2n}(x)P_{2m}(x)dx = \frac{1}{4m+1} \delta_{n,m}$ onde $n, m = 0, 1, 2, \dots$ e $\delta_{n,m}$

representa o símbolo do produto Kronecker das funções $P_{2n}(x)$ e $P_{2m}(x)$. Maiores detalhes são apresentados no apêndice B.

Os modelos de regressão aleatória utilizando polinômios ortogonais de Legendre têm sido reconhecidos como adequados para análise de dados longitudinais no melhoramento animal e têm sido utilizado para modelar várias características em algumas espécies de animais domésticos.

De acordo com Kirkpatrick et al. (1990), os polinômios ortogonais de Legendre utilizado em modelos de regressão aleatória, resultaram em normalidade e ortogonalidade, além disso, na trajetória de crescimento, foram úteis na indicação para análise de padrões de variações genéticas.

Problemas observados na estimação de componentes de covariância para modelos de regressão aleatória podem ser minimizados se maior proporção de animais apresentam número mínimo de observações igual a ordem do polinômio a ser ajustada para os efeitos de animal. Neste estudo realizado por Meyer (2004), foi possível quantificar o aumento na acurácia da avaliação genética de bovinos de corte, pela implementação de modelos de regressão aleatória. Foi observado que tais modelos são alternativa óbvia e preferencial, pois remove não somente os limites atuais do número máximo de registros de desempenho por animal, como também elimina a necessidade de correção de covariável de efeito fixo pela idade, como covariância de efeito fixo fornecendo estimativas do mérito genético para todas as idades. Nesta análise foi encontrado um aumento na acurácia da avaliação do crescimento de bovinos de corte,

quando se substituiu o modelo de múltiplas características pelos modelos de regressão aleatória.

Os modelos de regressão aleatória estão se tornando de uso rotineiro para tratar características longitudinais e têm substituído os modelos multicaracterísticos usuais para avaliações genéticas (Albuquerque, 2004).

MATERIAIS E MÉTODOS

A formação das famílias e obtenção dos dados fenotípicos foi realizada na Granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG, Brasil, no período de novembro de 1998 a julho de 2001. Para tanto, foram geradas duas famílias provenientes do cruzamento de 18 fêmeas originadas de linhagem desenvolvida na UFV (obtida do acasalamento de animais das raças comerciais Landrace, Large White e Piétrain, selecionados para características de desempenho) com dois machos da raça naturalizada brasileira Piau. A geração F1 nasceu entre os meses de março e maio de 1999. Dentre os machos F1, foram selecionados 11 varrões provenientes de diferentes leitegadas, que foram acasalados com 54 fêmeas F1. Os acasalamentos ocorreram entre os meses de fevereiro e outubro de 2000, para a produção da geração F2, nascida entre junho de 2000 e fevereiro de 2001. Assim, foram obtidos cerca de 620 animais F2.

Os animais foram submetidos a manejo padrão da Granja de Melhoramento de Suínos da UFV (PIRES et al. 2006), e as seguintes características fenotípicas de desempenho foram mensuradas na geração F2: peso ao nascer (PN); peso aos 21 dias (P21); peso aos 42 dias (P42); peso aos 63 dias (P63); peso aos 77 dias (P77); peso aos 105 dias (P105); peso ao abate (PA), sendo este último avaliado em torno de 150 dias (aproximadamente 65 kg de peso vivo).

Os mapas de ligação, os quais contêm o conjunto de estimativas das distâncias de cada marcador dentro de cada cromossomo, foram construídos por meio do software livre CRIMAP (Lander & Green, 1987) utilizando os dados genotípicos provenientes dos marcadores associados aos primers em questão. No presente trabalho foram utilizados dados genotípicos referente ao cromossomo 7 (*SSC - Sus Scrofa Chromosome*), uma vez que o mesmo apresenta grande importância para análise de QTL tendo em vista características de desempenho.

No presente estudo, o seguinte modelo foi considerado:

$$y_{ij} = \mu + \sum_{m=0}^{k_u} u_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_p} p_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_w} w_{im} \phi_m(t_{ij}) + e_{ij}, \quad (1)$$

em que:

y_{ij} é o peso do animal i ($i = 1, 2, \dots, n$) no tempo j ($j = 1, 2, \dots, s$), sendo este tempo indicado por t_{ij} ; μ é o conjunto de efeitos fixos de grupos contemporâneos; u_{im} , p_{im} e w_{im} são os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos poligênico, ambiente permanente e genético de aditivo de QTL para o animal i , sendo m o índice correspondente ao grau de cada função polinomial de Legendre, $\phi_m(t_{ij})$, a ser avaliada; k_u, k_p e k_w correspondem, respectivamente, aos graus dos polinômios relacionados com os efeitos poligênicos, de ambiente permanente e genético de QTL, e e_{ij} é o termo de erro aleatório.

A estrutura de covariância para o modelo apresentado em (1) é dada por:

$$\begin{aligned} \text{Cov}(y_{ij}, y_{ij'}) = & \sum_{m=0}^{k_u} \sum_{m'=0}^{k_u} \text{Cov}(u_{im}, u_{im'}) \phi_m(t_{ij}) \phi_{m'}(t_{ij'}) + \sum_{m=0}^{k_p} \sum_{m'=0}^{k_p} \text{Cov}(p_{im}, p_{im'}) \phi_m(t_{ij}) \phi_{m'}(t_{ij'}) \\ & + \sum_{m=0}^{k_w} \sum_{m'=0}^{k_w} \text{Cov}(w_{im}, w_{im'}) \phi_m(t_{ij}) \phi_{m'}(t_{ij'}) + \text{Cov}(e_{ij}, e_{ij'}). \end{aligned}$$

Em notação matricial, o modelo (1) é dado por:

$$y = \mu + Z_u u + Z_p p + Z_w w + e \quad (2),$$

em que: y é o vetor de observações longitudinais individuais, sendo n indivíduos com S_i avaliações (pois número de medidas não precisa ser o mesmo para todos os animais),

$y = (y_{11}, \dots, y_{1s_1}, y_{21}, \dots, y_{2s_2}, \dots, y_{n1}, \dots, y_{ns_n})'$; μ é o vetor de efeitos fixos; u é o vetor de

dimensão $(k_u+1)n$ de coeficientes de regressão aleatória dos efeitos poligênicos,

$u = (u_{10}, \dots, u_{1k_u}, \dots, u_{n0}, \dots, u_{nk_u})'$; p é o vetor de dimensão $(k_p+1)n$ de coeficientes de

regressão aleatória dos efeitos de ambiente, permanente $p = (p_{10}, \dots, p_{1k_p}, \dots, p_{n0}, \dots, p_{nk_p})'$;

w é o vetor de dimensão $(k_w+1)n$ de coeficientes de regressão aleatória dos efeitos

genético de QTL, $w = (w_{10}, \dots, w_{1k_w}, \dots, w_{n0}, \dots, w_{nk_w})'$; Z_u , Z_w e Z_p são respectivamente

matrizes de incidência para os coeficientes polinomiais representativos dos efeitos

poligênicos, genético de QTL e de ambiente permanente. As dimensões de Z_u , Z_p e

Z_w são dadas respectivamente por $S \times n(k_u+1)$, $S \times n(k_p+1)$ e $S \times n(k_w+1)$, sendo

$S = \sum_{i=1}^n s_i$, ou seja, a soma do número de medidas de todos os indivíduos.

Para apresentar a matriz de covariância de todas as observações inerente a este modelo, é necessário assumir pressuposições apresentadas por Macgregor et al. (2005). Tais pressuposições dizem respeito as distribuições dos coeficientes de regressão aleatória, e admitem que: $u \sim N(0, A \otimes K_u)$, sendo A a matriz de parentesco entre os animais e K_u uma matriz de dimensão $(k_u+1) \times (k_u+1)$ de covariâncias entre coeficientes de regressão dos diferentes graus para os efeitos poligênicos; $p \sim N(0, I_n \otimes K_p)$, sendo I_n uma matriz identidade de ordem n e K_p uma matriz de dimensão $(k_p+1) \times (k_p+1)$ de covariâncias entre coeficientes de diferentes graus para os efeitos de ambiente permanente; $w \sim N(0, Q \otimes K_w)$, sendo Q a matriz IBD genética e K_w uma matriz de dimensão $(k_w+1) \times (k_w+1)$ de covariâncias entre coeficientes de diferentes graus para os efeitos genotípicos de QTL.

As matrizes IBD alélicas, G_v , foram obtidas por meio do aplicativo computacional QXPAK (Pérez-enciso & Misztal, 2004), que considerou metodologia discutida a seguir. Em uma população formada pelo cruzamento entre duas raças C e D, um indivíduo i apresenta em um determinado loco, respectivamente, os alelos paternos e maternos g_i^p e g_i^m , cujos efeitos aditivos são v_i^p e v_i^m . A covariância entre estes efeitos, considerando o loco em questão, provenientes de dois indivíduos diferentes, i e q , é definida por:

$$\text{Cov}(v_i^h, v_q^{h'}) = \frac{1}{2} \sum_{h=1}^2 \sum_{h'=1}^2 P(v_i^h \equiv v_q^{h'} | v_i^h \in C) \sigma_C^2 + \frac{1}{2} \sum_{h=1}^2 \sum_{h'=1}^2 P(v_i^h \equiv v_q^{h'} | v_i^h \in D) \sigma_D^2, \quad (5)$$

em que: $P(v_i^h \equiv v_q^{h'} | v_i^h \in C)$ é a probabilidade dos alelos g_i^h e $g_q^{h'}$ (cujos efeitos aditivos são $(v_i^h$ e $v_q^{h'})$ serem idênticos por descendência e provenientes da raça C; h é o índice que representa a origem paterna ($h=1$) e materna ($h=2$) e σ_C^2 é a variância dos efeitos aditivos para a raça C. A mesma notação é assumida para a raça D.

Para estimar as probabilidades $P(v_i^h \equiv v_q^{h'} | v_i^h \in C)$ e $P(v_i^h \equiv v_q^{h'} | v_i^h \in D)$, o software em questão utiliza-se um procedimento de amostragem Gibbs, cuja descrição detalhada é apresentada em Pérez-Enciso et al. (2000). Uma vez obtidas tais estimativas, a matriz G_v de dimensão $2n \times 2n$, denominada de IBD alélica, é então confeccionada para cada posição do cromossomo considerada, sendo esta dada por:

$$G_v = \begin{pmatrix} \boxed{\text{Cov}(v_1^1, v_1^1)} & \boxed{\text{Cov}(v_1^1, v_1^2)} & \text{Cov}(v_1^1, v_2^1) & \text{Cov}(v_1^1, v_2^2) & \dots & \text{Cov}(v_1^1, v_n^1) & \text{Cov}(v_1^1, v_n^2) \\ \boxed{\text{Cov}(v_1^2, v_1^1)} & \boxed{\text{Cov}(v_1^2, v_1^2)} & \text{Cov}(v_1^2, v_2^1) & \text{Cov}(v_1^2, v_2^2) & \dots & \text{Cov}(v_1^2, v_n^1) & \text{Cov}(v_1^2, v_n^2) \\ \text{Cov}(v_2^1, v_1^1) & \text{Cov}(v_2^1, v_1^2) & \boxed{\text{Cov}(v_2^1, v_2^1)} & \boxed{\text{Cov}(v_2^1, v_2^2)} & \dots & \text{Cov}(v_2^1, v_n^1) & \text{Cov}(v_2^1, v_n^2) \\ \text{Cov}(v_2^2, v_1^1) & \text{Cov}(v_2^2, v_1^2) & \boxed{\text{Cov}(v_2^2, v_2^1)} & \boxed{\text{Cov}(v_2^2, v_2^2)} & \dots & \text{Cov}(v_2^2, v_n^1) & \text{Cov}(v_2^2, v_n^2) \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ \text{Cov}(v_n^1, v_1^1) & \text{Cov}(v_n^1, v_1^2) & \text{Cov}(v_n^1, v_2^1) & \text{Cov}(v_n^1, v_2^2) & \dots & \boxed{\text{Cov}(v_n^1, v_n^1)} & \boxed{\text{Cov}(v_n^1, v_n^2)} \\ \text{Cov}(v_n^2, v_1^1) & \text{Cov}(v_n^2, v_1^2) & \text{Cov}(v_n^2, v_2^1) & \text{Cov}(v_n^2, v_2^2) & \dots & \boxed{\text{Cov}(v_n^2, v_n^1)} & \boxed{\text{Cov}(v_n^2, v_n^2)} \end{pmatrix}$$

O aplicativo computacional QXPAK armazena cada matriz G_v (uma para cada posição k do cromossomo) em arquivos denominados $zran.k$, por exemplo para a posição 1 esta matriz é armazenada no arquivo $zran.10000$, para a posição 2 no arquivo $zran.20000$, e assim continuamente até a última posição. Dessa forma, as matrizes Q foram obtidas por meio da equação proposta por Nagamine (2005): $Q = (1/2)TG_vT'$ de dimensão $n \times n$, em que $T = I \otimes [1 \ 1]$ e I uma matriz identidade. O pacote R (R Development Core Team, 2011) foi utilizado para confeccionar tais matrizes após a importação dos arquivos $zran$ gerados anteriormente pelo aplicativo computacional QXPAK. Uma vez obtidas as matrizes Q (uma para cada posição), estas foram exportadas com extensão $.dat$ para que as mesmas fossem invertidas mediante opção `invert` do aplicativo computacional WOMBAT (Meyer, 2006). Assim, as matrizes Q^{-1} foram utilizadas posteriormente pela opção `GIN` (Generalized Inverse covariance matrix) deste mesmo software, a qual possibilitou a incorporação de efeitos aleatórios extras, como é o caso do efeito genotípico de QTL (w), em modelos de Regressão Aleatória.

O método de estimação considerado foi o da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), o qual visa maximizar a função de verossimilhança, restritamente aos efeitos aleatórios do modelo. Para tanto, o aplicativo computacional WOMBAT (Meyer, 2006) utilizou o algoritmo de maximização AI (average information) proposto por Johnson & Thompson (1995).

Para se inferir sobre a presença de QTL, foi empregado o teste de razão de verossimilhanças (RV), cuja estatística é dada por: $\log RV = -2 \ln(L_0/L_1)$, em que L_0 e L_1 são, respectivamente, os valores da função de verossimilhança maximizada para os modelos sem e com efeito de QTL. A distribuição Qui-quadrado (χ^2) com d graus de

liberdade, sendo d a diferença entre o número de parâmetros dos dois modelos, foi utilizada para obtenção do valor limite (threshold) aproximado via correção de Bonferroni (Uemoto et al., 2008), sendo $\chi^2_{0,05/11} = \chi^2_{0,0045}$ o valor correspondente a $\alpha=0,05$, uma vez que o teste está sendo aplicado em cada uma das 11 posições do cromossomo 7 (Figura 1). Tal aproximação foi utilizada devido as dificuldades práticas de se utilizar o método de permutação proposto por Churchill & Doerge (1994), pois no presente trabalho a complexidade do modelo de regressão aleatória inviabiliza a aplicação de grande número de repetições, cada uma considerando um arquivo de dados diferentes provenientes da aleatorização (permutação) sugerida.

No teste de χ^2 , a definição da quantidade d é baseada no fato de se considerar diferentes graus (k_w) para os polinômios de Legendre na modelagem dos efeitos alélicos de QTL, pois no presente estudo foi fixado os graus dos polinômios dos efeitos poligênicos e de ambiente permanente em 3 (ou seja, $k_u=k_p=3$), conforme metodologia proposta por Lund et al. (2008), e variou-se o grau do efeito de QTL, de forma a definir os modelos RA0 ($k_w=0$), RA1 ($k_w=1$), RA2 ($k_w=2$) e RA3 ($k_w=3$). Assim, primeiramente comparou-se o modelo RA1 (efeito linear de QTL) com modelo RA0 (modelo 1 sem efeito de QTL, ou seja, o modelo nulo), e posteriormente RA2 com RA1 e RA3 com RA2.

Ainda em relação a estas comparações, é interessante relatar que o ideal seria que as mesmas fossem efetuadas para cada posição dentro do cromossomo, porém devido a dificuldades técnicas de se realizar todas estas comparações, foi utilizada a estratégia de se efetuarem comparações primeiramente nas posições em que se encontram os marcadores e em posições intermediárias entre os marcadores (Silva et al., 2011), como ilustrado para o cromossomo 7 na Figura 1.

Uma vez que os dados de desempenho compreendem medidas de peso vivo avaliadas aproximadamente de 21 em 21 dias, e tendo em vista que os MRA permitem calcular a herdabilidade devida ao efeito de QTL (h_w^2) para pesos em idades não observadas, obtem-se tais valores para cada dia, até 150 dias, ou seja, $t = 1, 2, \dots, 150$. Como justificativa para tal procedimento, pode-se pensar que, para alguns tempos, não avaliados, ou para determinadas regiões da curva de crescimento, seja possível encontrar altos valores para h_w^2 , os quais apresentam uma grande fonte de informação para a implementação da seleção assistida por marcadores. Para obter a herdabilidade

em questão, utilizou-se a seguinte expressão, na qual ϕ_t corresponde à matriz de incidência dos dias de interesse:

$$\hat{h}_w^2 = \frac{\hat{\sigma}_{w_t}^2}{\hat{\sigma}_{u_t}^2 + \hat{\sigma}_{p_t}^2 + \hat{\sigma}_{w_t}^2 + \hat{\sigma}_{e_t}^2}, \text{ em que: } \hat{\sigma}_{u_t}^2 = \phi_t' \hat{K}_u \phi_t, \hat{\sigma}_{p_t}^2 = \phi_t' \hat{K}_p \phi_t \text{ e } \hat{\sigma}_{w_t}^2 = \phi_t' \hat{K}_w \phi_t.$$

Tem-se que a matriz de covariância genética envolvendo várias idades é dada por $G = \Phi \hat{K} \Phi'$. A matriz Φ (que contém vetores ϕ_t) é função de Λ , a matriz dos polinômios de Legendre. Empregando polinômios na forma normalizada (Apêndice B),

tem-se $\phi_n(x) = \left(\frac{2n+1}{2}\right)^{0.5} P_n(x)$, sendo que $\phi_n(x)$ fornece os elementos de Λ . Para

$k=3$ tem-se:

$$\Lambda' = \begin{bmatrix} 0,7071 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1,225 & 0 & 0 \\ -0,7906 & 0 & 2,3717 & 0 \\ 0 & -2,806 & 0 & 4,6771 \end{bmatrix}.$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 são apresentados os testes de razão de verossimilhanças (RV) relacionados com a comparação entre o modelo sem QTL (nulo) e os modelos com QTL com diferentes graus polinomiais para estes efeitos (RA0, RA1, RA2 e RA3).

De acordo com resultados apresentados na Tabela 1, nota-se que o efeito significativo de QTL apenas foi observado para a posição 65 cM, além disso, nota-se também, que tal significância apenas foi constatada ao se comparar o modelo RA0 com RA1 e RA2 com RA1.

Em relação à posição 65 do cromossomo 7, pode-se dizer que esta realmente está localizada em uma região sujeita a observação de QTL's significativos para características de crescimento, uma vez que tal posição já foi relatada em outros trabalhos envolvendo características de ganho de peso. Demeure et al. (2005) relataram a presença de QTL significativo para ganho de peso médio entre 70 e 150 dias na posição 64 cM ao estudar uma população envolvendo vários cruzamentos entre Large White, Meishan e Landrace. Sanchez et al. (2006) detectaram QTL significativo para o ganho de peso médio diário entre o nascimento e o abate na posição 69 cM em uma população backcross Meishan x Large White. Koning et al. (2001) observaram QTL significativo para a característica ganho de peso médio entre 25 e 90 kg na posição 61,5 cM em uma população de suínos F2 Meishan x Large White. Rohrer (2000) verificou a presença de QTL significativo na posição 60 cM para a característica ganho de peso médio diário entre 125 e 180 dias utilizando dados de uma população backcross Meishan x Large White. Quintanilla et al. (2002) relataram QTL significativo para a característica ganho de peso médio diário entre 21 e 70 dias na posição 70 cM ao estudarem um população F2 Meishan x Large White.

Nota-se na Tabela 1 altos valores, embora não significativos, para a estatística logRV ao se considerar os modelos RA1 e RA2 na posição 80 cM, e para esta posição também se tem relatos na literatura da presença de QTL para características de crescimento, podendo citar Demeure et al. (2005) para ganho de peso médio entre 70 e 150 dias na posição 73 cM e Nezer et al. (2002) para o ganho de peso médio diário entre o nascimento e o abate na posição 89 cM em uma população intercross Pietran x Large White.

De forma geral, torna-se relevante relatar o fato que no presente trabalho a presença significativa de QTL na posição 65 cM não foi observada para o peso, ou ganho de peso, em períodos específicos da curva de crescimento dos animais, mas sim para o processo de crescimento como um todo ao longo do tempo. Mediante aplicação das funções de covariâncias foi possível detectar em quais regiões da curva de crescimento a herdabilidade devida ao efeito de QTL foi maior, o que possibilita a utilização do desempenho dos animais nestas regiões como características de interesse na seleção assistida por marcadores. Estas regiões podem ser visualizadas na Figura 2. Na Figura 2 pode ser verificada as herdabilidades devidas ao efeito de QTL calculadas ao longo da curva de crescimento de suínos (F2 Comercial x Piau) via função de covariância..

Nota-se na Figura 2, que a herdabilidade devida ao efeito de QTL, h^2_w , calculada ao longo da curva de crescimento dos animais foi de magnitude considerável para as duas posições, 65 e 80 cM, em que $\log RV$ apresentam valores mais altos, de forma que o valor máximo, respectivamente nessas posições, foi de 0,11 e 0,06. Nota-se também que estes valores foram observados na extremidade superior, ou seja, em torno de 150 dias. Até o momento, não foram encontrados trabalhos na literatura relatando variações da herdabilidade devido ao efeito de QTL em suínos, porém de acordo com Huisman et al. (2002), os quais empregaram a metodologia de regressão aleatória via polinômios de Legendre para estimar a herdabilidade devida ao efeito poligênico ao longo da curva de crescimento de suínos, os maiores valores de herdabilidade foram observados nos extremos inferior e superior, que no trabalho em questão foi aos 150 dias, e em torno dos 65 Kg de peso vivo.

De forma geral, segundo Macgregor et al. (2005), tal herdabilidade tende a mostrar altos valores nas extremidades, e isso se deve em parte a metodologia dos polinômios de Legendre empregada na análise. Segundo Meyer & Hill (1997), uma proposta seria a utilização de *splines* em vez destes polinômios, uma vez que estas são mais robustas a variações observadas nos extremos das trajetórias longitudinais.

CONCLUSÕES

A metodologia de Regressão Aleatória permitiu calcular a herdabilidade devido ao efeito de QTL (h^2_w) para o peso dos animais em tempos não observados nos dados amostrais, fato este que caracteriza um avanço tecnológico tendo em vista a detecção de QTL em populações F2 de suínos. Dentre as posições estudadas no cromossomo 7, verificou-se que a mais provável de se observar genes que influenciam todo o processo de crescimento dos animais é a 65 cM, e nesta o maior valor de h^2_w no tempo foi observado aos 150 dias, com magnitude 0,11.

Para os efeitos de QTL um polinômio de grau 2 apresentou melhor ajuste.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais**. Pirassununga: SBMA, 2004. p.1-13.

CHURCHILL, G. A. & DOERGE, R. W. Empirical threshold values for quantitative trait mapping. **Genetics**, v.138, p.963–971, 1994.

DEMEURE, O; SANCHEZ, M P; RIQUET, J; IANNUCELLI, N; DEMARS, J; FÈVE, K; KERNALEGUEN, L; GOGUÉ, J;BILLON, Y; CARITEZ, J C; MILA. Exclusion of the swine leukocyte antigens as candidate region and reduction of the position interval for the *Sus scrofa* chromosome 7 QTL affecting growth and fatness. **Journal of Animal Science**, v.83, p.1979-87, 2005.

EDWARDS, D. B.; ERNST, C. W; TEMPELMAN, R. J.; ROSA, G. J. M.; RANEY, N. E.; HOGE, M. D.; R. O. BATES. Quantitative trait loci mapping in an F₂ Duroc x Pietrain resource population: I. Growth traits. **J. Anim Sci**.v.86, p.241-253, 2008.

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

GONÇALVES, T.M **Genes de efeito principal e locos de características quantitativas em suínos**. 2003, 82p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu.

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

JOHNSON, D.L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. **Journal of Dairy Science**, v.78, p.449-456, 1995.

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

KONING , D. J., RATTINK, A. P. B., HARLIZIUS, M. A., GROENEN, BRASCAMP, M. E. W.; and van ARENDONK, J. A. M. Detection and characterization of quantitative trait loci for growth and reproduction traits in pigs. **Livestock Production Science**, v.72, p.185-198. 2001.

LANDER, E.S. AND GREEN, P. Construction of multi-locus genetic linkage maps in humans. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, v.84, p.2363–2367, 1987.<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/cgi/ijlink?linkType=ABST&journalCode=pnas&resid=84/8/2363>

LIU, B.H. **Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis**. Cleveland:Cleveland: CRC Press, 1998.

LUND, M.S.; SORENSEN, P.; MADSEN, P.; JAFFRÉZIC, F. Detection and modelling of time-dependent QTL in animal populations. **Genetics Selection Evolution**, v.40, p.177-194. 2008.

MACGREGOR, S.; KNOTT, S.A.; WHITE, I.; VISSCHER, P.M. QTL analysis of longitudinal quantitative trait data in complex pedigrees. **Genetics**. v.171, p.1365–1376, 2005.

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

MEYER, K. Random regression models for analyses of longitudinal data in animal breeding. In: SESSION OF THE INTERNATIONAL STATISTICAL INSTITUTE, 54., 2003, Berlim. **Proceedings...** Berlim, 2003.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.88, p.69-83, 2004.

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

NAGAMINE, Y. Transformation of QTL genotypic effects to allelic effects. **Genet. Sel. Evol.**, v.37, p.579-584, 2005.

NEZER C, MOREAU L, WAGENAAR D, GEORGES M. Results of a whole genome scan targeting QTL for growth and carcass traits in a Pietran x Large White intercross. **Genet Sel Evol.**, v.34, p.371-87. 2002.

NONES, K. **Mapeamento de QTLs no cromossomo 1 de Gallus gallus que influenciam características de desempenho e carcaça.** 2004. 110p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

PÉREZ-ENCISO, M, VARONA, L, ROTHSCHILD, MF. Computation of identity by descent probabilities conditional on DNA markers via Monte Carlo Markov chain method. **Genet. Sel. Evol.**, v.32, p.467-482, 2000.

PÉREZ-ENCISO, M. AND MISZTAL, I. Qxpak: a versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. **Bioinformatics**. v.20, p.2792-2798, 2004.

PIG QTL DATABASE. Disponível em:
<<http://www.animalgenome.org/QTLdb/pig.html>>. Acesso em: 12 de agosto de 2011.

PIRES, A. V. ; LOPES, P. S. ; GUIMARÃES, S. E. F. Mapeamento de Locos de Características Quantitativas (QTL) no Cromosomo 6 de Suínos, Associados às Características de Carcaça e de Órgão Internos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 1660-1668, 2006.

QUINTANILLA, R.; MILAN, D.; BIDANEL, J. P. A further look at quantitative trait loci affecting growth and fatness in across between Meishan and Large White pig populations. **Genet Sel Evol.** v.34, p.93-210, 2002.

R Development Core Team (2008). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

REBELLO, Tomás Chacón, et al. **Actas del encuentro de matemáticos andaluces**. Vol I. Pinelos Talleres gráficos, S.L., Gamas, Sevilla, 2001.

RESENDE, M. D. V. **Genômica Quantitativa e Seleção no Melhoramento de Plantas Perenes e Animais**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. 330 p.

RODRIGUEZ-ZAS, S. L.; SOUTHEY B. R., HEYEN, D. W., LEWIN, H. A., Detection of quantitative trait loci influencing dairy traits using a model for longitudinal data, **j. Dairy.**, v.85, p.2681-2691, 2002.

ROHRER, G.A. Identification of quantitative trait loci affecting birth characters and accumulation of backfat and weight in a Meishan-White Composite resource population. **J Anim Sci.**, v.78, p.2547-53. 2000.

ROTHSCHILD, M.F.; LIU, H.C.; TUGGLE, C.K. et al. Analysis of pig chromosome 7 genetic markers for growth and carcass performance traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.112, p.341-348, 1995.

SANCHEZ, M.P.; J. RIQUET, N. IANNUCELLI, J. GOGUE, Y. BILLON, O. DEMEURE, J.C. CARITEZ, G. BURGAUD, K.FEVE, M. BONNET, C. PERY. Effects of quantitative trait loci on chromosomes 2,4, and 7 on growth carcass, and meat quality traits in backcross Meishan x Large White pigs. **J Anim Sci.**, v.84, p.526-537, 2006.

SCHAEFFER, L.R. Application of regression models models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, p.35-45, 2004.

SCHAEFFER. L. R., DEKKERS, J. C. M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...**Montpellier, France 2002.1 CD-Rom.

SILVA, F. F. ; ROSA, G. J. M. ; GUIMARÃES, S.E.F, LOPES,P.S., de los CAMPOS, G. Three-step Bayesian factor analysis applied to QTL detection in crosses between outbred pig populations. **Livestock Science**, v 142, p. 210-215, 2011.

UEMOTO Y, NAGAMINE Y, KOBAYASHI E, SATO S, TAYAMA T, SUDA Y, SHIBATA T, SUZUKI. Quantitative trait loci analysis on *Sus scrofa* chromosome 7 for meat production, meat quality, and carcass traits within a Duroc purebred population. **K.J Anim Sci.**, v.86, p.2833-9, 2008.

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 of Dairy Science**, v.81, p.3300-3308, 1998.

WILLIAM, D.B. QTL analysis: power, precision and accuracy. In: PATERSON, A.H. Molecular dissection of complex traits. **CRC Press**, New York, 1998, p. 145-162.

WU, R. L., MA, C.-X.; S.S.; ZENG, Z. B. Linkage mapping of sex-specific differences. **Genetical Research**, London, v. 79, p.85-96, 2002..

YANG, R., Yi, N., XU, S. **Box-Cox transformation for QTL mapping**. *Genetica*. v.128, p.133-143, 2006.

TABELAS E FIGURAS

Tabela 1. Valores de qui-quadrado associados ao teste RV^1 para verificação do efeito significativo de QTL sobre o peso corporal considerando diferentes modelos de regressão aleatória RA_k (RA_1 , RA_2 e RA_3) em relação a RA_0 , em que k é o grau do polinômio, para cada posição do cromossomo 7 de suínos.

Posição (cM)	RA1	RA2	RA3
0	3,4567	3,1235	3,4567
15	4,5679	Nc	Nc
31	4,7890	3,4567	Nc
43	4,6789	5,6789	3,4561
65	8,6413*	8,1067*	3,9451
80	6,3456	6,5678	3,4563
96	4,4567	4,6752	Nc
102	4,2347	4,4567	Nc
108	4,8967	Nc	Nc
122	2,3456	Nc	Nc
136	3,7865	4,2346	Nc

1 O modelo nulo utilizado para aplicação deste teste compreendeu um modelo de regressão aleatória com os graus dos polinômios dos efeitos poligênicos e permanente de ambiente igual a 3, ou seja, $k_u=k_p=3$ no modelo apresentado em (1).

* significativo ao nível de 5% (equivalente a $\chi^2_{0,0045}=8,0701$ de acordo com Uemoto et al. (2008))

Nc indica que o modelo adotado não convergiu.

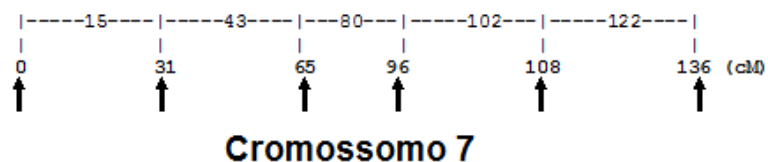


Figura 1. Posições nas quais os modelos com e sem QTL foram comparados mediante teste de razão de verossimilhanças. As setas indicam as posições dos marcadores.

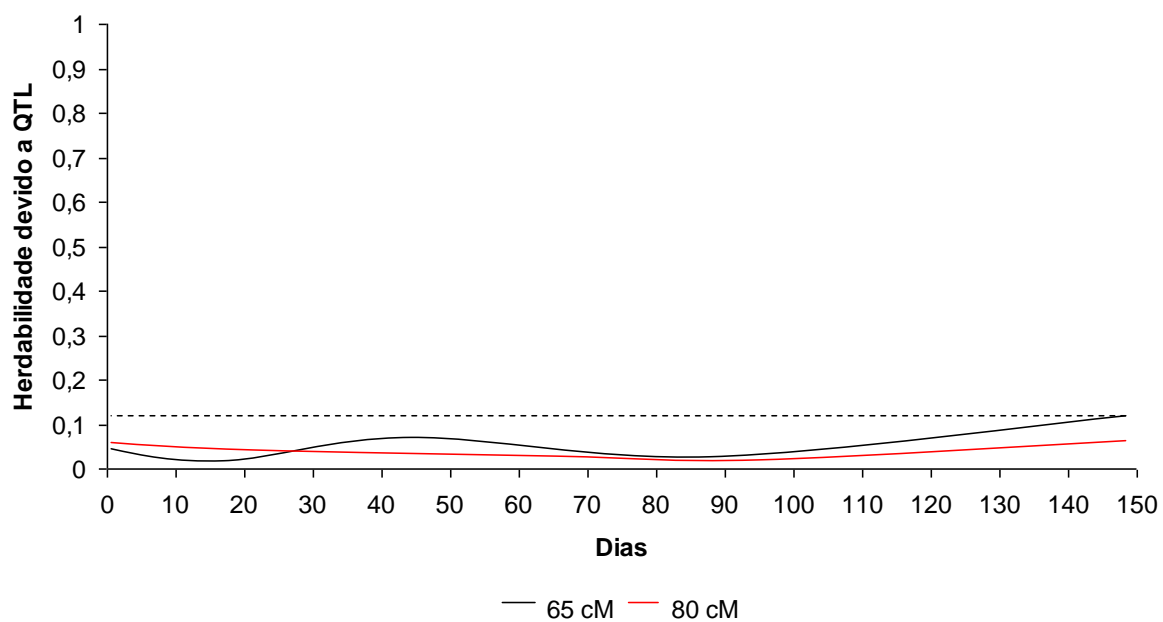


Figura 2. Herdabilidades do caráter peso corporal devidas ao efeito de QTL calculadas ao longo da curva de crescimento de suínos (F2 Comercial x Piau) via função de covariância, associadas ao modelo RA2.

APÊNDICE A – Aplicação da matriz IBD e sua inversa

Os dois primeiros indivíduos são considerados independentes, portanto, a parte superior esquerda da submatriz 4x4 de G_v , é a matriz identidade. Segue abaixo ilustração:

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0				
v_1^m	0	1	0	0				
v_2^p	0	0	1	0				
v_2^m	0	0	0	1				
v_3^p					1			
v_3^m						1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Elementos da linha abaixo da diagonal podem ser obtidos pelas equações (a) e (b).

Segue abaixo equação (a)

$$g_{i_0^p, j} = (1 - \rho_0^p) g_{i_s^p, j} + \rho_0^p g_{i_s^m, j}$$

Segue abaixo equação (b)

$$g_{i_0^m, j} = (1 - \rho_0^m) g_{i_d^m, j} + \rho_0^m g_{i_d^p, j}$$

- Para equação (a) temos $j=1 \dots i_0^p - 1$, onde $\rho_0^p = r$ se herda M_s^p ou $\rho_0^p = (1-r)$ se herda M_s^m
- Para equação (b) temos $j=1 \dots i_0^m - 1$, onde $\rho_0^m = r$ se herda M_d^p ou $\rho_0^m = (1-r)$ se herda M_d^m

Os elementos da coluna acima da diagonal serão obtidos por simetria.

A probabilidade da equação abaixo

$$\begin{aligned} \text{Cov}(v_0^p, v_0^p) &= \text{Cov}(v_0^p, v_0^p / Q_0^p \equiv Q_0^p) \cdot P(Q_0^p \equiv Q_0^p) \\ &= \text{Var}(v_0^p) \cdot P(Q_0^p \equiv Q_0^p) \end{aligned}$$

quando o herda $M_{s'}^p$, pode ser calculada recursivamente como

$P(Q_0^p \equiv Q_{0'}^p) = P(Q_0^p \equiv Q_{s'}^p) \cdot (1-r) + P(Q_0^p \equiv Q_{s'}^m) \cdot r$ e quando o herda $M_{s'}^m$, pode ser

calculada como $P(Q_0^p \equiv Q_{0'}^p) = P(Q_0^p \equiv Q_{s'}^p) \cdot r + P(Q_0^p \equiv Q_{s'}^m) \cdot (1-r)$ o desenvolvimento dessas duas fórmulas de probabilidades leva a um método tabular.

O método tabular para a construção de G_v , é semelhante ao método utilizado para construir a matriz de parentesco do numerador (E. G. Henderson, 1976). Note que o G_v tem o dobro de linhas como indivíduos, porque cada indivíduo tem dois efeitos: um para o paterno e 1 para o alelo MQTL materna. As linhas e colunas do G_v devem ser ordenadas de forma que os correspondentes a progênie seguirão os seus pais. Deixe os índices de linha de G_v , o que corresponde para os efeitos de alelos de cada MQTL $O(v_0^p, v_0^m)$, ser i_0^p, i_0^m ; do seu pai $s(v_s^p, v_s^m)$ ser i_s^p, i_s^m , e da mãe $d(v_d^p, v_d^m)$ ser i_d^p, i_d^m . Além disso, temos elemento i, j de G_v sendo considerado como g_{ij} .

Temos que:

- $g_{i_0^p, j} = P(Q_0^p \equiv Q_{s'}^p)$
- $g_{i_0^m, j} = P(Q_0^p \equiv Q_{s'}^m)$

Cada elemento da linha para v_3^p é igual a $(1-r) = 0,9$ vezes o elemento de linha correspondente para v_1^p mais $r = 0,1$ vezes o elemento de linha correspondente a v_1^m

De acordo com a equação (a) temos:

$$g_{i_0^p, j} = (1-\rho_0^p) g_{i_3^p, j} + \rho_0^p g_{i_3^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_3^p \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_1^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_3^p, j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 1 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_1^p)$$

$$g_{i_3^m, j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 0 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_1^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_3^p = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_3^p = (1-0,1).1 + 0,1.0$$

$$v_3^p = 0,9 + 0$$

$$v_3^p = 0,9$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9			
v_1^m	0	1	0	0				
v_2^p	0	0	1	0				
v_2^m	0	0	0	1				
v_3^p	0,9				1			
v_3^m						1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Vamos considerar que:

$$g_{i_3^p, j} = v_3^{pim} \quad (v_3^{pim} = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_1^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_1^p, j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_1^m)$$

$$g_{i_1^m, j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 1 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_1^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_3^{pim} = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_3^{pim} = (1-0,1).0 + 0,1.1$$

$$v_3^{pim} = 0 + 0,1$$

$$v_3^{pim} = 0,1$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9			
v_1^m	0	1	0	0	0,1			
v_2^p	0	0	1	0				
v_2^m	0	0	0	1				
v_3^p	0,9	0,1			1			
v_3^m						1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_3^{p_2} \quad (v_3^{p_2} = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_2^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_1^p, j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_2^p)$$

$$g_{i_1^m, j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 0 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_2^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_3^{p_2} = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_3^{p_2} = (1-0,1).0 + 0,1.0$$

$$v_3^{p_2} = 0 + 0$$

$$v_3^{p_2} = 0$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9			
v_1^m	0	1	0	0	0,1			
v_2^p	0	0	1	0	0			
v_2^m	0	0	0	1				
v_3^p	0,9	0,1	0		1			

v_3^m						1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Vamos considerar que:

$$g_{i^p,j} = v_3^{p2m} \quad (v_3^{p2m} = \text{linha } v_3^p \times \text{coluna } v_2^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i^p,j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \times \text{coluna } v_2^m)$$

$$g_{i^m,j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 0 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \times \text{coluna } v_2^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_3^{p2} = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_3^{p2} = (1-0,1).0 + 0,1.0$$

$$v_3^{p2} = 0 + 0$$

$$v_3^{p2} = 0$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9			
v_1^m	0	1	0	0	0,1			
v_2^p	0	0	1	0	0			
v_2^m	0	0	0	1	0			
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1			
v_3^m						1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Cada elemento da linha para v_3^m é igual a $r = 0,1$ vezes o elemento da linha correspondente para v_2^p mais $(1-r) = 0,9$ vezes o elemento da linha correspondente para v_2^m .

- De acordo com a equação (b) temos:

Temos que: $v_3^{m_1} = r.v_2^p + (1-r).v_2^m$

Onde $r = 0,1$

$$v_3^{m_1} = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_1^m$$

$$v_2^p = 0 \text{ (} v_2^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_2^p \text{)}$$

$$v_2^m = 0 \text{ (} v_2^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_2^p \text{)}$$

Substituindo os valores na equação, temos:

$$v_3^{m_1} = r.v_2^p + (1-r).v_2^m$$

$$v_3^{m_1} = 0,1.0 + (1-0,1).0$$

$$v_3^{m_1} = 0 + 0$$

$$v_3^{m_1} = 0$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0		
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0		
v_2^p	0	0	1	0	0			
v_2^m	0	0	0	1	0			
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1			
v_3^m	0	0				1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Temos que: $v_3^{m_2} = r.v_2^p + (1-r).v_2^m$

Onde $r = 0,1$

$$v_3^{m_2} = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_2^p$$

$$v_2^p = 1 \text{ (} v_2^p = \text{linha } v_2^p \text{ x coluna } v_2^p \text{)}$$

$$v_2^m = 0 \text{ (} v_2^m = \text{linha } v_2^m \text{ x coluna } v_2^p \text{)}$$

Substituindo os valores na equação, temos:

$$v_3^{m_2} = r \cdot v_2^p + (1-r) \cdot v_2^m$$

$$v_3^{m_2} = 0,1 \cdot 1 + (1-0,1) \cdot 0$$

$$v_3^{m_2} = 0,1 + 0$$

$$v_3^{m_2} = 0,1$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0		
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0		
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1		
v_2^m	0	0	0	1	0			
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1			
v_3^m	0	0	0,1			1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Temos que: $v_3^{m_1} = r \cdot v_2^p + (1-r) \cdot v_2^m$

Onde $r = 0,1$

$$v_3^{m_2m} = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_1^m$$

$$v_2^p = 0 \text{ (} v_2^p \text{ = linha } v_2^p \text{ x coluna } v_2^m \text{)}$$

$$v_2^m = 1 \text{ (} v_2^m \text{ = linha } v_2^m \text{ x coluna } v_2^m \text{)}$$

Substituindo os valores na equação, temos:

$$v_3^{m_2m} = r \cdot v_2^p + (1-r) \cdot v_2^m$$

$$v_3^{m_2m} = 0,1 \cdot 0 + (1-0,1) \cdot 1$$

$$v_3^{m_2m} = 0 + 0,9$$

$$v_3^{m_2m} = 0,9$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0		
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0		
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1		
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9		
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1			
v_3^m	0	0	0,1	0,9		1		
v_4^p							1	
v_4^m								1

Temos que: $v_3^{m_3} = r.v_2^p + (1-r).v_2^m$

Onde $r = 0,1$

$$v_3^{m_3} = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_3^p$$

$$v_2^p = 0 \text{ (} v_2^p = \text{linha } v_2^p \text{ x coluna } v_3^p \text{)}$$

$$v_2^m = 0 \text{ (} v_2^m = \text{linha } v_2^m \text{ x coluna } v_3^p \text{)}$$

Substituindo os valores na equação, temos:

$$v_3^{m_2} = r.v_2^p + (1-r).v_2^m$$

$$v_3^{m_2} = 0,1.0 + (1-0,1).0$$

$$v_3^{m_2} = 0 + 0$$

$$v_3^{m_2} = 0$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0		
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0		
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1		
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9		
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0		

De acordo com a equação (a) temos:

$$g_{i_0^p, j} = (1 - \rho_0^p) g_{i_s^p, j} + \rho_0^p g_{i_s^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{p1m} \quad (v_4^{p1m} = \text{linha } v_4^p \text{ x coluna } v_1^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,5$$

$$g_{i_s^p, j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_1^m)$$

$$g_{i_s^m, j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 1 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_1^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{p1m} = (1 - r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_4^{p1m} = (1 - 0,5).0 + 0,5.1$$

$$v_4^{p1m} = 0 + 0,5$$

$$v_4^{p1m} = 0,5$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1		
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9		
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0		
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1		
v_4^p	0,5	0,5					1	
v_4^m								1

De acordo com a equação (a) temos:

$$g_{i_0^p, j} = (1 - \rho_0^p) g_{i_s^p, j} + \rho_0^p g_{i_s^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{p_2} \quad (v_4^{p_2} = \text{linha } v_4^p \text{ x coluna } v_2^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,5$$

$$g_{i_s^p, j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_2^p)$$

$$g_{i_s^m, j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 0 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_2^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{p_2} = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_4^{p_2} = (1-0,5).0 + 0,5.0$$

$$v_4^{p_2} = 0 + 0$$

$$v_4^{p_2} = 0$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9		
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0		
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1		
v_4^p	0,5	0,5	0				1	
v_4^m								1

De acordo com a equação (a) temos:

$$g_{i_0^p, j} = (1-\rho_0^p)g_{i_s^p, j} + \rho_0^p g_{i_s^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{p_2m} \quad (v_4^{p_2m} = \text{linha } v_4^p \text{ x coluna } v_2^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,5$$

$$g_{i_s^p, j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_2^m)$$

$$g_{i_s^m, j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 1 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_2^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{p2m} = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_4^{p2m} = (1-0,5).0 + 0,5.0$$

$$v_4^{p2m} = 0 + 0$$

$$v_4^{p2m} = 0$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0		
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1		
v_4^p	0,5	0,5	0	0			1	
v_4^m								1

De acordo com a equação (a) temos:

$$g_{i_0^p, j} = (1-\rho_0^p)g_{i_1^p, j} + \rho_0^p g_{i_1^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{p3} \quad (v_4^{p3} = \text{linha } v_4^p \text{ x coluna } v_3^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,5$$

$$g_{i_1^p, j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0,9 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_3^p)$$

$$g_{i_1^m, j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 0,1 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_3^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{p3} = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_4^{p3} = (1-0,5).0,9 + 0,5.0,1$$

$$v_4^{p3} = 0,45 + 0,05$$

$$v_4^{p3} = 0,5$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1		
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5		1	
v_4^m								1

De acordo com a equação (a) temos:

$$g_{i^p,j} = (1-\rho_0^p)g_{i^p,j} + \rho_0^p g_{i^m,j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i^p,j} = v_4^{p3m} \quad (v_4^{p3m} = \text{linha } v_4^p \text{ x coluna } v_3^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,5$$

$$g_{i^p,j} = v_1^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_1^p = \text{linha } v_1^p \text{ x coluna } v_3^m)$$

$$g_{i^m,j} = v_1^m \quad \text{onde } v_1^m = 0 \quad (v_1^m = \text{linha } v_1^m \text{ x coluna } v_3^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{p2m} = (1-r)v_1^p + r.v_1^m$$

$$v_4^{p2m} = (1-0,5).0 + 0,5.0$$

$$v_4^{p2m} = 0 + 0$$

$$v_4^{p2m} = 0$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	
v_4^m								1

O marcador de informações está disponível para v_4^m , de modo que cada elemento da linha para v_4^m é $(1-r) = 0,9$ vezes a linha correspondente ao elemento v_3^p mais $r = 0,1$ vezes o elemento de linha correspondente a v_3^m .

De acordo com a equação (b) temos:

$$g_{i_0^m, j} = (1-\rho_0^m) g_{i_1^p, j} + \rho_0^m g_{i_1^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{m_1} \quad (v_4^{m_1} = \text{linha } v_4^m \text{ x coluna } v_1^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_3^p, j} = v_3^p \quad \text{onde } v_3^p = 0,9 \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_1^p)$$

$$g_{i_3^m, j} = v_3^m \quad \text{onde } v_3^m = 0 \quad (v_3^m = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_1^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{m_1} = (1-r)v_3^p + r.v_3^m$$

$$v_4^{m_1} = (1-0,1).0,9 + 0,1.0$$

$$v_4^{m_1} = 0,81 + 0$$

$$v_4^{m_1} = 0,81$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	0,81
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	
v_4^m	0,81							1

De acordo com a equação (b) temos:

$$g_{i_0^m, j} = (1 - \rho_0^m) g_{i_d^p, j} + \rho_0^m g_{i_d^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{m_{im}} \quad (v_4^{m_{im}} = \text{linha } v_4^m \text{ x coluna } v_1^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_s^p, j} = v_3^p \quad \text{onde } v_1^p = 0,1 \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_1^m)$$

$$g_{i_s^m, j} = v_3^m \quad \text{onde } v_1^m = 0 \quad (v_3^m = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_1^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{m_{im}} = (1-r)v_3^p + r.v_3^m$$

$$v_4^{m_{im}} = (1-0,1).0,1 + 0,1.0$$

$$v_4^{m_{im}} = 0,09 + 0$$

$$v_4^{m_{im}} = 0,09$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	0,81
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	0,09
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	

v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	
v_4^m	0,81	0,09						1

De acordo com a equação (b) temos:

$$g_{i_0^m, j} = (1 - \rho_0^m) g_{i_0^p, j} + \rho_0^m g_{i_0^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{m_2} \quad (v_4^{m_2} = \text{linha } v_4^m \text{ x coluna } v_2^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_0^p, j} = v_3^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_2^p)$$

$$g_{i_0^m, j} = v_3^m \quad \text{onde } v_1^m = 0,1 \quad (v_3^m = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_2^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{m_2} = (1-r)v_3^p + r.v_3^m$$

$$v_4^{m_2} = (1-0,1).0 + 0,1.0,1$$

$$v_4^{m_2} = 0 + 0,01$$

$$v_4^{m_2} = 0,01$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	0,81
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	0,09
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	0,01
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	
v_4^m	0,81	0,09	0,01					1

De acordo com a equação (b) temos:

$$g_{i_0^m, j} = (1 - \rho_0^m) g_{i_d^m, j} + \rho_0^m g_{i_s^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{m_{2m}} \quad (v_4^{m_{2m}} = \text{linha } v_4^m \text{ x coluna } v_2^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_s^p, j} = v_3^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_2^m)$$

$$g_{i_s^m, j} = v_3^m \quad \text{onde } v_1^m = 0,9 \quad (v_3^m = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_2^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{m_{2m}} = (1-r)v_3^p + r.v_3^m$$

$$v_4^{m_{2m}} = (1-0,1).0 + 0,1.0,9$$

$$v_4^{m_{2m}} = 0 + 0,9$$

$$v_4^{m_{2m}} = 0,09$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	0,81
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	0,09
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	0,01
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	0,09
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	
v_4^m	0,81	0,09	0,01	0,09				1

De acordo com a equação (b) temos:

$$g_{i_0^m, j} = (1 - \rho_0^m) g_{i_d^m, j} + \rho_0^m g_{i_s^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{m_3} \quad (v_4^{m_3} = \text{linha } v_4^m \text{ x coluna } v_3^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_3^p, j} = v_3^p \quad \text{onde } v_1^p = 1 \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_3^p)$$

$$g_{i_3^m, j} = v_3^m \quad \text{onde } v_1^m = 0 \quad (v_3^m = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_3^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{m_3} = (1-r)v_3^p + r.v_3^m$$

$$v_4^{m_3} = (1-0,1).1 + 0,1.0$$

$$v_4^{m_3} = 0,9 + 0$$

$$v_4^{m_3} = 0,9$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	0,81
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	0,09
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	0,01
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	0,09
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	0,9
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	
v_4^m	0,81	0,09	0,01	0,09	0,9			1

De acordo com a equação (b) temos:

$$g_{i_0^m, j} = (1-\rho_0^m)g_{i_0^p, j} + \rho_0^m g_{i_0^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{m_3m} \quad (v_4^{m_3m} = \text{linha } v_4^m \text{ x coluna } v_3^m)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_3^p, j} = v_3^p \quad \text{onde } v_1^p = 0 \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_3^m)$$

$$g_{i_3^m, j} = v_3^m \quad \text{onde } v_1^m = 1 \quad (v_3^m = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_3^m)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{m_{3m}} = (1-r)v_3^p + r.v_3^m$$

$$v_4^{m_{3m}} = (1-0,1).0 + 0,1.1$$

$$v_4^{m_{3m}} = 0 + 0,1$$

$$v_4^{m_{3m}} = 0,1$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	0,81
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	0,09
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	0,01
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	0,09
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	0,9
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	0,1
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	
v_4^m	0,81	0,09	0,01	0,09	0,9	0,1		1

De acordo com a equação (b) temos:

$$g_{i_0^m, j} = (1-\rho_0^m)g_{i_0^p, j} + \rho_0^m g_{i_0^m, j}$$

Vamos considerar que:

$$g_{i_0^p, j} = v_4^{m_4} \quad (v_4^{m_4} = \text{linha } v_4^m \text{ x coluna } v_4^p)$$

$$\rho_0^p = r \quad \text{onde } r = 0,1$$

$$g_{i_3^p, j} = v_3^p \quad \text{onde } v_3^p = 0,5 \quad (v_3^p = \text{linha } v_3^p \text{ x coluna } v_4^p)$$

$$g_{i_3^m, j} = v_3^m \quad \text{onde } v_3^m = 0 \quad (v_3^m = \text{linha } v_3^m \text{ x coluna } v_4^p)$$

Substituindo na equação (a), teremos:

$$v_4^{m_4} = (1-r)v_3^p + r.v_3^m$$

$$v_4^{m_4} = (1-0,1).0,5 + 0,1.0$$

$$v_4^{m_4} = 0,45 + 0$$

$$v_4^{m_4} = 0,45$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0,9	0	0,5	0,81
v_1^m	0	1	0	0	0,1	0	0,5	0,09
v_2^p	0	0	1	0	0	0,1	0	0,01
v_2^m	0	0	0	1	0	0,9	0	0,09
v_3^p	0,9	0,1	0	0	1	0	0,5	0,9
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	1	0	0,1
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0,5	0	1	0,45
v_4^m	0,81	0,09	0,01	0,09	0,9	0,1	0,45	1

Demonstração da inversa da matriz IBD

Definimos de acordo com Quaas et al. (1984) e Quaas (1988) um modelo linear para relacionar o efeito do alelo paterno MQTL de um indivíduo (0) para efeitos alelos de MQTL paterna e materna do seu pai (s)

$$v_0^p = (1 - \rho_0^p) v_s^p + \rho_0^p v_s^m + \varepsilon_0^p \quad (\text{a.1})$$

onde ε_0^p é um efeito residual. Da mesma forma, um modelo linear para o efeito do alelo maternal MQTL de 0 é

$$v_0^m = (1 - \rho_0^m) v_d^p + \rho_0^m v_d^m + \varepsilon_0^m \quad (\text{a.2})$$

Pode ser mostrado que os resíduos do ε_0^p em equação (a.1) e ε_0^m em (a.2) tem uma covariância (G_ε) diagonal. Agora, o vetor dos efeitos de MQTL alelos (v) pode ser escrita como

$$v = Pv + \varepsilon \quad (\text{b})$$

onde P é uma matriz em que cada linha contém apenas dois elementos não-zero, se o pai é conhecido, ou contendo apenas zeros, se o pai é desconhecido, e ε é um vetor de resíduos. Por exemplo, a linha i_0^p terá $(1 - \rho_0^p)$ em coluna de i_d^p e ρ_0^m em coluna i_d^m , se o pai da i é conhecido. Da mesma forma, a linha i_0^m terá $(1 - \rho_0^m)$ na coluna i_d^p e ρ_0^m na

coluna i_d^m , se a barragem de i é conhecido.

Para avançar, precisamos dos elementos da diagonal da G_ε . Considere, por exemplo, variância do ε_0^p . De equação (a), se o pai de 0 é conhecido

$$\text{Var}(v_0^p) = (1-\rho_0^p)^2 \cdot \text{Var}(v_s^p) + (\rho_0^p)^2 \cdot \text{Var}(v_s^m) + 2(1-\rho_0^p)\rho_0^p \cdot \text{Cov}(v_s^p, v_s^m) + \text{Var}(\varepsilon_0^p)$$

porque os efeitos de alelos de MQTL do pai não estão correlacionadas com os resíduos de seus descendentes 0. Assim

$$\text{Var}(\varepsilon_0^p) = \text{Var}(v_0^p) - (1-\rho_0^p)^2 \cdot \text{Var}(v_s^p) - (\rho_0^p)^2 \cdot \text{Var}(v_s^m) - 2(1-\rho_0^p)\rho_0^p \cdot \text{Cov}(v_s^p, v_s^m) \quad (\text{c})$$

A covariância entre os efeitos de alelos MQTL paterna e materna pode ser escrito como

$$\text{Cov}(v_s^p, v_s^m) = \text{Var}(v_s^p) \cdot P(Q_s^p \equiv Q_s^m) = \text{Var}(v_s^p) \cdot F_s \quad (\text{d})$$

onde o F_s é a endogamia do pai s. Agora, equação (c) pode ser escrita como

$$\text{Var}(\varepsilon_0^p) = 2\sigma_v^2 (1-\rho_0^p)\rho_0^p (1-F_s) \quad (\text{e.1})$$

porque $\text{Var}(v_0^p) = \text{Var}(v_s^p) = \text{Var}(v_s^m) = \sigma_v^2$, e onde $(1-\rho_0^p)\rho_0^p = (1-r)r$ para $\rho_0^p = r$ ou para $\rho_0^p = (1-r)$. Quando o pai não é inato: $\text{Var}(\varepsilon_0^p) = 2\sigma_v^2(1-r)r$, se a informação do marcador está disponível, ou $\text{Var}(\varepsilon_0^p) = \sigma_v^2/2$, se a informação marcador não está disponível.

Se o pai não é conhecido, $\text{Var}(\varepsilon_0^p) = \sigma_v^2$.

Da mesma forma, se barragem de 0 é conhecido, a variação ε_0^m é

$$\text{Var}(\varepsilon_0^m) = 2\sigma_v^2 (1-\rho_0^m)\rho_0^m (1-F_d) \quad (\text{e.2})$$

onde $(1-\rho_0^m)\rho_0^m = (1-r)r$ para $\rho_0^m = r$ ou $\rho_0^m = (1-r)$ e onde F_d é a endogamia do pai

d. Quando o pai não é endogamico: $\text{Var}(\varepsilon_0^m) = 2\sigma_v^2(1-r)r$ marcador, se

informação está disponível, ou $\text{Var}(\varepsilon_0^m) = \sigma_v^2/2$, se a informação marcador não está disponível.

Se a pai não é conhecido, $\text{Var}(\varepsilon_0^m) = \sigma_v^2$.

Rearranjando (b), v pode ser escrito como

$$V = (I - P)^{-1} \varepsilon \quad (f)$$

para não-singular $(I - P)$, e portanto G_v pode ser escrita como

$$G_v = (I - P)^{-1} G_\varepsilon (I - P)^{-1} \quad (g)$$

Partindo da equação(g), é evidente que um G_v^{-1} pode ser escrita como

$$G_v^{-1} = (I - P) G_\varepsilon^{-1} (I - P) \quad (h)$$

Como mostrado anteriormente, P tem uma estrutura simples, com cada linha contendo no máximo 2 elementos não-zero, e G_v^{-1} é diagonal.

Para obter as regras para a inversão G_v^{-1} , equação (h) é escrito como

$$G_v^{-1} = Q G_\varepsilon^{-1} Q' \quad (i)$$

onde $Q = (I - P)$.

Assim, dadas as informações dos pais e marcador de um indivíduo, as contribuições para G_v^{-1} , correspondente aos efeitos alelos de MQTL paterna e materna do indivíduo, são facilmente obtidas.

Agora, para obter o inverso de $G : 1$ teremos que:

- 1) calcular diagonais de G_ε : quando o pai é conhecido (sabido), a diagonal é dada pela equação (e.1) ou (e.2), e quando o pai é desconhecido, a diagonal é σ_v^2 ;
- 2) definir G_v^{-1} para a matriz nula;
- 3) para cada um descendente 0, com o pai s e a mãe d, adicione o seguinte para os elementos indicados do G_v^{-1} :

Se o pai é conhecido, adicione $(1 - \rho_0^p)^2 d_{i_0^p}$ para elemento da diagonal, $i_s^p; i_s^p$

$((1 - \rho_0^p) \rho_0^p) d_{i_0^p}$ para elementos i_s^p, i_0^m e i_s^m, i_s^p ;

$-(1 - \rho_0^p) d_{i_0^p}$ para elementos i_s^p, i_0^p e i_0^p, i_s^p ;

$(\rho_0^p)^2 d_{i_0^p}$ para elemento da diagonal i_s^m, i_s^m ;

e $-\rho_0^p d_{i_0^p}$ para elementos i_s^m, i_0^p e i_0^p, i_s^m ;

se a mãe é conhecida, adicione $(1 - \rho_0^m)^2 d_{i_0^m}$ para elemento da diagonal i_d^p, i_d^p ;

$(1 - \rho_0^m) \rho_0^m d_{i_0^m}$ para elementos i_d^p, i_d^m e i_d^m, i_d^p ;

Cada pai dos indivíduos 4 também é conhecido, mas o marcador herdado do pai não é conhecido. Portanto, a diagonal de G_ε , correspondente a V_4^p é de 0,5, o que corresponde a V_4^m é $2(1-r)r = 0,18$.

$$\text{Var}(\varepsilon_0^p) = 2\sigma_v^2(1-\rho_0^p)\rho_0^p(1-F_s)$$

Ou seja: $\text{Var}(\varepsilon_0^p) = 2 * 1(1-0.1)0.1(1-0)$

$$\text{Var}(\varepsilon_0^p) = 0.18$$

Onde, $\sigma_v^2 = 1$, $\rho_0^p = r = 0.1$

Assim teremos:

$G_\varepsilon =$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1							
v_1^m		1						
v_2^p			1					
v_2^m				1				
v_3^p					0,18			
v_3^m						0,18		
v_4^p							0,5	
v_4^m								0,18

Temos que a matriz G_ε é diagonal, segue abaixo a prova.

Deixe-o ser um indivíduo que não é um descendente direto de o' . De equações

$v_0^p = (1-\rho_0^p)v_s^p + \rho_0^p v_s^m + \varepsilon_0^p$ e $v_0^m = (1-\rho_0^m)v_d^p + \rho_0^m v_d^m + \varepsilon_0^m$, os efeitos aditivos dos alelos MQTL de o e o' são

$$v_0^z = (1-\rho_0^z)v_\xi^p + \rho_0^z v_\xi^m + \varepsilon_0^z \quad (\text{A1})$$

e

$$v_0^{z'} = (1-\rho_0^{z'})v_{\xi'}^p + \rho_0^{z'} v_{\xi'}^m + \varepsilon_0^{z'} \quad (\text{A2})$$

onde z pode assumir valores p ou m , $\xi = s$ quando $z = p$, ou $\xi = d$, quando $z = m$. Da mesma forma, z' pode assumir valores p ou m , $\xi' = s'$ quando $z' = p$, ou $\xi' = d'$ quando

$z' = m$. Note que, para um par arbitrário de indivíduos, os que não é descendente direto do outro. Portanto, para provar que o G_{ε} , é diagonal, é suficiente para demonstrar a covariância entre ε_0^z e $\varepsilon_0^{z'}$, é nulo.

Nas equações (A1) e (A2), a covariância entre os efeitos aditivos de MQTL alelos v_0^z e $v_0^{z'}$, pode ser escrita como

$$\begin{aligned} Cov(v_0^z, v_0^{z'}) &= cov[v_0^z, (1 - \rho_0^{z'})v_{\xi'}^p + \rho_0^{z'}v_{\xi'}^m + \varepsilon_0^{z'}] \\ &= (1 - \rho_0^{z'})Cov(v_0^z, v_{\xi'}^p) + \rho_0^{z'}Cov(v_0^z, v_{\xi'}^m) + Cov(v_0^z, \varepsilon_0^{z'}) \end{aligned} \quad (A3)$$

Mas, a partir das equações $g_{i_0^p, j} = (1 - \rho_0^p)g_{i_s^p, j} + \rho_0^p g_{i_s^m, j}$ e $g_{i_0^m, j} = (1 - \rho_0^m)g_{i_d^p, j} + \rho_0^m g_{i_d^m, j}$

$$Cov(v_0^z, v_0^{z'}) = (1 - \rho_0^{z'})Cov(v_0^z, v_{\xi'}^p) + \rho_0^{z'}Cov(v_0^z, v_{\xi'}^m) \quad (A4)$$

Assim, para equação (A3) igual a (A4), o terceiro mandato em equação (A3), $Cov(v_0^z, \varepsilon_0^{z'})$, deve ser zero. O mesmo raciocínio pode ser usado para mostrar que $Cov(v_{\xi'}^p, \varepsilon_0^{z'})$ e $Cov(v_{\xi'}^m, \varepsilon_0^{z'})$ são zero. Portanto, uma vez que $Cov(v_0^z, \varepsilon_0^{z'})$, $Cov(v_{\xi'}^p, \varepsilon_0^{z'})$ e $Cov(v_{\xi'}^m, \varepsilon_0^{z'})$ são zero, $Cov(\varepsilon_0^z, \varepsilon_0^{z'})$ deve ser zero.

Além disso, tendo tendo o ser um pai o' , o residual $(\varepsilon_0^{z'})$ na equação (A2) correlacionados com $v_{\xi'}^p$, e com $v_{\xi'}^m$ em equação (A2), porque $Cov(v_0^z, \varepsilon_0^{z'}) = 0$, como mostrado acima. O resultado do efeito de cada alelo MQTL de um dos pais é não correlacionados o com o residual $(\varepsilon_0^{z'})$ de seus descendentes, foi utilizada para obter a equação $Var(\varepsilon_0^p) = Var(v_0^p) - (1 - \rho_0^p)^2 Var(v_s^p) - (\rho_0^p)^2 Var(v_s^m) - 2(1 - \rho_0^p)\rho_0^p Cov(v_s^p, v_s^m)$

Assim teremos a matriz G_{ε} representada abaixo.

$G_{\varepsilon} =$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	1	0	0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	1	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	0	0	0
v_3^p	0	0	0	0	0,18	0	0	0
v_3^m	0	0	0	0	0	0,18	0	0

v_4^p	0	0	0	0	0	0	0,5	0
v_4^m	0	0	0	0	0	0	0	0,18

Fazendo a inversa da matriz G_ε , teremos:

$$G_\varepsilon * G_\varepsilon^{-1} = I$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	1		0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	1	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	0	0	0
v_3^p	0	0	0	0	0,18	0	0	0
v_3^m	0	0	0	0	0	0,18	0	0
v_4^p	0	0	0	0	0	0	0,5	0
v_4^m	0	0	0	0	0	0	0	0,18

*

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	a1	a2	a3	A4	a5	a6	a7	a8
v_1^m	b1	b2	b3	B4	b5	b6	b7	b8
v_2^p	c1	c2	c3	C4	c5	c6	c7	c8
v_2^m	d1	d2	d3	D4	d5	d6	d7	d8
v_3^p	e1	e2	e3	E4	e5	e6	e7	e8
v_3^m	f1	f2	f3	F4	f5	f6	f7	f8
v_4^p	g1	g2	g3	G4	g5	g6	g7	g8
v_4^m	h1	h2	h3	H4	h5	h6	h7	h8

=

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	1	0	0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	1	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	0	0	0
v_3^p	0	0	0	0	1	0	0	0
v_3^m	0	0	0	0	0	1	0	0
v_4^p	0	0	0	0	0	0	1	0
v_4^m	0	0	0	0	0	0	0	1

Multiplicando as matrizes e igualando a matriz identidade teremos:

$$1 * a_1 = 1$$

$$a_1 = 1$$

$$1 * b_2 = 1$$

$$b_2 = 1$$

$$1 * c_3 = 1$$

$$c_3 = 1$$

$$1 * d_4 = 1$$

$$d_4 = 1$$

$$0.18 * e_5 = 1$$

$$e_5 = 1/0.18 = 5,556$$

$$0.18 * f_6 = 1$$

$$f_6 = 1/0.18 = 5,556$$

$$0.5 * g_7 = 1$$

O pai de indivíduos 4 é 1, mas informações do marcador não está disponível. Assim, a linha correspondente a v_4^p tem 0,5 nas colunas correspondentes a v_1^p e v_1^m .

P =

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	0	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	0		0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	0	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	0	0	0	0	0
v_3^p	0,9	0,1	0	0	0	0	0	0
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	0	0	0
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0
v_4^m								

O pai de 4 indivíduos é de 3 e M_3^p foi transmitida a 4. Assim, a linha correspondente a v_4^m tem $(1 - r) = 0,9$ na coluna correspondente ao v_3^p e $r = 0,1$ na coluna correspondente a v_3^m .

P =

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	0	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	0		0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	0	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	0	0	0	0	0
v_3^p	0,9	0,1	0	0	0	0	0	0
v_3^m	0	0	0,1	0,9	0	0	0	0
v_4^p	0,5	0,5	0	0	0	0	0	0
v_4^m	0	0	0	0	0,9	0,1	0	0

Para construir a matriz Q temos $Q = (I - P)$.

=

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	-0,9	0	-0,5	0
v_1^m	0	1	0	0	-0,1	0	-0,5	0
v_2^p	0	0	1	0	0	-0,9	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	-0,1	0	0
v_3^p	0	0	0	0	1	0	0	-0,9
v_3^m	0	0	0	0	0	1	0	-0,1
v_4^p	0	0	0	0	0	0	1	0
v_4^m	0	0	0	0	0	0	0	1

Como temos o valor da matriz Q podemos encontrar a matriz Q' .

$Q' =$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	1	0	0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	1	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	0	0	0
v_3^p	-0,9	-0,1	0	0	1	0	0	0
v_3^m	0	0	-0,1	-0,9	0	1	0	0
v_4^p	-0,5	-0,5	0	0	0	0	1	0
v_4^m	0	0	0	0	-0,9	-0,1	0	1

Para encontrar a inversa da matriz G_v devemos utilizar a seguinte expressão:

$$G_v^{-1} = Q * G_\varepsilon^{-1} * Q'$$

$$G_v^{-1} =$$

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	-0,9	0	-0,5	0
v_1^m	0	1	0	0	-0,1	0	-0,5	0
v_2^p	0	0	1	0	0	-0,9	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	-0,1	0	0
v_3^p	0	0	0	0	1	0	0	-0,9
v_3^m	0	0	0	0	0	1	0	--0,1
v_4^p	0	0	0	0	0	0	1	0
v_4^m	0	0	0	0	0	0	0	1

*

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	1	0	0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	1	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	0	0	0
v_3^p	0	0	0	0	5,556	0	0	0
v_3^m	0	0	0	0	0	5,556	0	0
v_4^p	0	0	0	0	0	0	2	0
v_4^m	0	0	0	0	0	0	0	5,556

*

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	1	0	0	0	0	0	0	0
v_1^m	0	1	0	0	0	0	0	0
v_2^p	0	0	1	0	0	0	0	0
v_2^m	0	0	0	1	0	0	0	0
v_3^p	-0,9	-0,1	0	0	1	0	0	0
v_3^m	0	0	-0,1	-0,9	0	1	0	0
v_4^p	-0,5	-0,5	0	0	0	0	1	0
v_4^m	0	0	0	0	-0,9	-0,1	0	1

=

	v_1^p	v_1^m	v_2^p	v_2^m	v_3^p	v_3^m	v_4^p	v_4^m
v_1^p	6	1	0	0	-0,5	0	-1	0
v_1^m	1	1,556	0	0	-0,556	0	-1	0
v_2^p	0	0	1,056	0,5	0	-0,556	0	0
v_2^m	0	0	0,5	5,5	0	-5	0	0
v_3^p	-5	-0,556	0	0	10,056	0,5	0	-5
v_3^m	0	0	-0,556	-5	0,5	5,611	0	-0,556
v_4^p	-1	-1	0	0	0	0	2	0
v_4^m	0	0	0	0	-5	-0,556	0	5,556

APÊNDICE B – Polinômios ortogonais de Legendre

1-Definição dos polinômios ortogonais

A aparição da primeira família de polinômios ortogonais se remonta no final do século XVIII com o intuito de estudar relação entre trajetórias planetárias (Rebello, 2001). Especificamente tentando resolver o problema da atração de um corpo por uma esfera. Adrien Marie Legendre introduz em 1782 os polinômios hoje conhecidos como polinômios de Legendre. Em seu artigo “Sur L’attraction dês sphéroïdes” de 1785, Legendre encontrou que ao integrar a equação para calcular a componente radial da força de atração se podia expressar mediante uma serie de potencias de r'/r da forma: $r^{-2} \{1 + 3P_2(\cos \gamma)(r'/r)^2 + 5P_4(\cos \gamma)(r'/r)^4 + \dots\}$. As funções P_2, P_4, \dots são funções racionais inteiras de $\cos \gamma$ que hoje são conhecidas como polinômios de Legendre. Neste trabalho Legendre obteve uma fórmula geral para os polinômios P_n de grau arbitrário. Em um segundo artigo publicado em 1787, Legendre deduziu algumas de suas propriedades das funções $P_{2n}(x)$ como a ortogonalidade:

$$\int_0^1 P_{2n}(x)P_{2m}(x)dx = \frac{1}{4m+1} \delta_{n,m}.$$

Além disso, demonstrou-se também que estes polinômios satisfazem uma equação diferencial linear: $(1-x^2)P_n''(x) - 2xP_n'(x) + n(n+1)P_n(x) = 0$.

1.1- Ortogonalidade

De acordo com Giuliani et al (2010) temos a definição abaixo.

Definição 1.1.1- Sejam $f, g \in L_w^2(a, b)$. f e g são ortogonais se $(f, g)_w = 0$. Se, além disso, f e g têm norma igual a 1 elas são ditas ortonormais.

Definição 1.1.2- Dizemos que uma sequência de funções $\{f_k\}_{k=0}^\infty$ de L_w^2 é ortogonal se $\forall n, m$ com $n \neq m \Rightarrow (f_n, f_m)_w = 0$. Adicionalmente, se $\forall k \|f_k\|_{L_w^2(a,b)} = 1$, a sequência é ortonormal.

Proposição 1.1.1 Dada uma função peso w no intervalo (a, b) , se $\{1, x, x^2, \dots\} \subseteq L_w^2$, então existe uma sequência ortogonal de polinômios em $L_w^2(a, b)$.

Demonstrando que dado o conjunto $\{1, x, x^2, \dots\}$, qualquer de seus subconjuntos finitos é linearmente independente. Então, pelo Teorema de Gram-Schmidt, existem constantes $a_{11}, a_{22}, a_{21}, a_{33}, a_{32}, a_{31}, \dots$ tais que

$$\begin{aligned}
p_0(x) &= a_{11} \\
p_1(x) &= a_{21} + a_{22}x \\
p_2(x) &= a_{31} + a_{32}x + a_{33}x^2 \\
&\cdot \quad \cdot \quad \cdot \\
&\cdot \quad \cdot \quad \cdot \\
&\cdot \quad \cdot \quad \cdot
\end{aligned}$$

é uma sequência de polinômios de $L_w^2(a, b)$ ortogonal.

Lema 1.1.1 Dada uma sequência de polinômios de $L_w^2(a, b)$ ortogonal $\{p_k\}_{k=0}^\infty$ com o grau de p_k igual a k , então, $\forall n$ $[p_0, p_1, \dots, p_n] = [1, x, \dots, x^n]$ isto é, o espaço gerado por $\{p_0, \dots, p_n\}$ é o espaço gerado por $\{1, \dots, x^n\}$.

Dado n , $\{p_0, p_1, \dots, p_n\}$ podem ser obtidos por combinações lineares de $\{1, x, \dots, x^n\}$. Então $\{p_0, p_1, \dots, p_n\} \subseteq [1, x, \dots, x^n]$. Como $\{p_0, \dots, p_n\}$ é um conjunto ortogonal (\Rightarrow l.i.) de dimensão n , é uma base para o espaço em questão.

Lema 1.1.2 Numa sequência de polinômios ortogonal $\{p_k\}_{k=0}^\infty \subset L_w^2(a, b)$, com grau de p_k igual a k , $\forall n$, o polinômio p_n é ortogonal a todo polinômio de grau $< n$.

Dado n , p_n é ortogonal a $\{p_0, p_1, \dots, p_{n-1}\}$. Então, pelo lema 1, p_n é ortogonal ao espaço formado pelos polinômios de ordem até $n-1$. Então, p_n é ortogonal a todo polinômio de grau $< n$.

Teorema 1.1.1 Dada uma função peso w , sejam $\{p_k\}_{k=0}^\infty$ e $\{q_k\}_{k=0}^\infty$ sequências de polinômios ortogonais de $L_w^2(a, b)$, em que p_k e q_k têm grau k , então $\forall k$, $p_k = c_k q_k$, com $c_k = a_{kk}/b_{kk}$, sendo a_{kk} e b_{kk} os coeficientes principais dos polinômios p_k e q_k , respectivamente.

A demonstração será feita por indução finita. Existe c_0 como no enunciado ($c_0 = p_1/q_1$). Sob a hipótese de que existem tais $c_k \forall k \leq n$, seja $c_{n+1} = a_{n+1, n+1}/b_{n+1, n+1}$ conforme o enunciado. $\forall m \leq n$, $(p_m, p_{n+1})_w = 0$ e $(p_m, q_{n+1})_w = 0$ pelo lema 2. Então, $(p_m, p_{n+1} - c_{n+1} q_{n+1})_w = 0$.

Observe que $p_{n+1} - c_{n+1}q_{n+1}$ tem grau $\leq n$. Como o único polinômio de grau $\leq n$ ortogonal a todo polinômio em $\{p_0, p_1, \dots, p_n\}$ é 0, $p_{n+1} = c_{n+1}q_{n+1}$.

Teorema 1.1.2 Dada uma função peso w , numa sequência de polinômios ortogonais $\{p_k\}_{k=0}^{\infty} \subset L_w^2(a, b)$, com grau de p_k igual a k , $\forall k$, os zeros dos polinômios p_k são simples, reais, e estão em (a, b) .

Demonstração. Fixe $n \geq 1$. Vamos mostrar que p_n troca de sinal n vezes em (a, b) . Se p_n tivesse sinal constante em $[a, b]$, digamos positivo, então

$$\int_a^b p_n(x)w(x)dx = (p_n, p_0)_w > 0.$$

Mas isso contradiz a ortogonalidade $(p_n \perp p_0)$. Logo, $p(x_1) = 0$ para algum $x_1 \in (a, b)$.

Suponha que x_1 é zero de p_n com multiplicidade maior que um. Então, $\frac{p_n(x)}{(x-x_1)^2}$ seria

um polinômio de grau $n-2$. Logo,

$$0 = \left(p_n, \frac{p_n(x)}{(x-x_1)^2} \right)_w = \left(1, \left(\frac{p_n(x)}{(x-x_1)} \right)^2 \right)_w > 0$$

o que é uma contradição. Portanto, cada zero de p_n é simples.

Supomos agora que p_n tem j zeros x_1, x_2, \dots, x_j e que mais nenhum zero pertença ao intervalo (a, b) . Então

$$p_n(x)(x-x_1)(x-x_2)\dots(x-x_j) = p_{n-j}(x)(x-x_1)^2(x-x_2)^2\dots(x-x_j)^2,$$

onde p_{n-j} é um polinômio que não muda de sinal em (a, b) . Então,

$$\begin{aligned} & \left(p_n(x), (x-x_1)(x-x_2)\dots(x-x_j) \right)_w = \\ & \left(p_{n-j}(x), (x-x_1)^2(x-x_2)^2\dots(x-x_j)^2 \right)_w \end{aligned}$$

O lado direito não pode ser nulo, mas o lado esquerdo anula-se se $j < n$, de modo que devemos ter $j \geq n$. Mas $j > n$ é impossível, e portanto $j = n$.

Agora, vamos elaborar uma relação de recorrência que é válida para todas as sequências de polinômios ortogonais $\{p_k\}_{k=0}^{\infty} \subset L_w^2$ com grau de p_k igual a k .

Iniciamos fixando $c : p_0(x) = c \forall x$. $p_1(x) = ax + b$ deve ser tal que $(p_1, p_0)_w = 0$. Então

$$(ax + b, c)_w = 0$$

$$ac(x,1)_w + bc(1,1)_w = 0$$

$$\Rightarrow \frac{b}{a} = -\frac{(x,1)_w}{(1,1)_w} = \frac{\int_a^b xw(x)dx}{\int_a^b w(x)dx}$$

sendo que a pode ser escolhido livremente, conforme visto no teorema 1. Para a criação de novos termos na sequência de polinômios ortogonais, tendo os $n+1$ primeiros termos (p_0, \dots, p_n) , fazemos da seguinte forma: o polinômio $P = xp_n(x)$ é ortogonal a todo polinômio de grau $< n-1$, devido ao lema 2 e ao fato de o produto interno ser dado por uma integral. Então para obter um polinômio ortogonal a $\{p_0, p_1, \dots, p_n\}$, basta tirar de P suas componentes em

p_n e em p_{n-1} :

$$p_{n+1}(x) = A \left(p(x) - \frac{(P, p_n)_w}{\|p_n\|_{L_w^2(a,b)}^2} p_n(x) - \frac{(P, p_{n-1})_w}{\|p_{n-1}\|_{L_w^2(a,b)}^2} p_{n-1}(x) \right)$$

onde A pode ser escolhido livremente.

1.2 Propriedades dos Polinômios Ortogonais

Vejamos algumas das propriedades dos polinômios ortogonais.

Propriedade 1 - Sejam $\phi_0(x), \phi_1(x), \phi_2(x), \dots$, polinômios ortogonais, não nulos, segundo um produto escalar qualquer. Então, qualquer polinômio de grau menor ou igual a n pode ser escrito como combinação linear de $\phi_0(x), \phi_1(x), \dots, \phi_n(x)$

Prova: Os polinômios $\phi_0(x), \phi_1(x), \dots, \phi_n(x)$ constituem uma base para o espaço dos polinômios de grau menor ou igual a n . Assim, se $Q(x)$ é um polinômio da forma:

$$Q(x) = a_0 + a_1x + \dots + a_nx^n,$$

Então $Q(x)$ pode ser escrito, através de mudança de base, como:

$$Q(x) = b_0\phi_0(x) + b_1\phi_1(x) + \dots + b_n\phi_n(x)$$

Propriedade 2 - Sejam $\phi_0(x), \phi_1(x), \dots, \phi_n(x)$ nas condições da propriedade 1. Então $\phi_n(x)$ é ortogonal a qualquer polinômio $Q(x)$ de grau menor que n .

Prova: Seja $Q(x)$, um polinômio de grau $n-1$. Pela propriedade anterior temos que:

$$Q(x) = b_0\phi_0(x) + b_1\phi_1(x) + \dots + b_{n-1}\phi_{n-1}(x),$$

então:

$$\begin{aligned}
(Q(x), \phi_n(x)) &= (b_0\phi_0(x) + b_1\phi_1(x) + \dots + b_{n-1}\phi_{n-1}(x), \phi_n(x)) \\
&= b_0(\phi_0(x), \phi_n(x)) + b_1(\phi_1(x), \phi_n(x)) + \dots + b_{n-1}(\phi_{n-1}(x), \phi_n(x)) \\
&= 0
\end{aligned}$$

desde que os polinômios $\phi_0(x), \phi_1(x), \dots, \phi_n(x)$ são dois a dois ortogonais.

Propriedade 3 - Sejam $\phi_0(x), \phi_1(x), \phi_2(x), \dots, \dots$, polinômios ortogonais segundo o produto escalar:

$$(f, g) = \int_a^b w(x)f(x)g(x)dx,$$

Com $w(x) \geq 0$ e contínua em $[a, b]$. Então $\phi_n(x)$ possui n raízes (reais) distintas em $[a, b]$.

Prova: Para verificar a veracidade desta propriedade dividiremos a prova em três partes, isto é, provaremos que:

- a) $\phi_n(x)$ possui algum zero em $[a, b]$,
- b) os zeros de $\phi_n(x)$ em $[a, b]$, são simples,
- c) os n zeros de $\phi_n(x)$ estão em $[a, b]$.

Os três itens serão provados por absurdo. Assim, para provar a), vamos supor, por absurdo, que $\phi_n(x)$ não possui zeros em $[a, b]$. Portanto em $[a, b]$, $\phi_n(x) \neq 0$. Assim:

$$\begin{aligned}
(\phi_n(x), \phi_0(x)) &= \int_a^b w(x)\phi_n(x)\phi_0(x)dx \\
&= \int_a^b w(x)\phi_n(x)dx \neq 0,
\end{aligned}$$

desde que $\phi_0(x) = 1$, $w(x) \geq 0$, mas não pode ser identicamente nula, e $\phi_n(x) \neq 0$ em $[a, b]$.

Mas $\phi_n(x)$ e $\phi_0(x)$ são ortogonais, e portanto $(\phi_n(x), \phi_0(x)) = 0$. Logo é um absurdo supor que $\phi_n(x)$ não possui zeros em $[a, b]$

Para provar b) vamos supor, por absurdo, que exista uma raiz de $\phi_n(x)$ que seja de multiplicidade 2. Seja x_1 essa raiz. Portanto:

$$\frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)^2},$$

é um polinômio de grau $n-2$. Assim, pela propriedade 2:

$$\left(\phi_n(x), \frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)^2} \right) = 0$$

Mas, usando as propriedades de produto escalar, obtemos:

$$\begin{aligned} \left(\phi_n(x), \frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)^2} \right) &= \int_a^b w(x) \phi_n(x) \frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)^2} dx \\ &= \int_a^b w(x) \frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)} \frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)} dx \\ &= \left(\frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)}, \frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)} \right) \geq 0, \end{aligned}$$

onde a igualdade é válida se e somente se $\frac{\phi_n(x)}{(x-x_1)}$ for o polinômio nulo. Portanto é um

absurdo supor que os zeros de $\phi_n(x)$ em $[a, b]$, não são simples.

Finalmente, para provar c) vamos supor, por absurdo, que exista apenas j zeros de $\phi_n(x)$ em $[a, b]$, com $j < n$. Sejam x_1, x_2, \dots, x_j os zeros de $\phi_n(x)$ em $[a, b]$. Então, podemos escrever:

$$\phi_n(x) = (x-x_1)(x-x_2)\dots(x-x_j)q_{n-j}(x)$$

onde $q_{n-j} \neq 0$ em $[a, b]$. Assim, pela propriedade 2, segue que:

$$(\phi_n(x), (x-x_1)(x-x_2)\dots(x-x_j)) = 0$$

Mas, usando as propriedades de produto escalar, temos que:

$$\begin{aligned} &(\phi_n(x), (x-x_1)(x-x_2)\dots(x-x_j)) = \\ &= \int_a^b w(x)(x-x_1)\dots(x-x_j)q_{n-j}(x)(x-x_1)\dots(x-x_j)dx \\ &= \int_a^b w(x)(x-x_1)^2\dots(x-x_j)^2q_{n-j}(x)dx \neq 0. \end{aligned}$$

Portanto, é um absurdo supor que os n zeros de $\phi_n(x)$ não estão em $[a, b]$.

Assim, acabamos de provar que $\phi_n(x)$ possui n zeros (reais), distintos em $[a, b]$.

Propriedade 4 - Sejam $\phi_0(n), \phi_1(x), \phi_2(x), \dots$, nas condições da propriedade 3. Sejam x_0, x_1, \dots, x_n as raízes de $\phi_{n+1}(x)$. Se $f(x)$ é um polinômio de grau menor ou igual a $2n+1$, então:

$$\int_a^b w(x)f(x)dx = \sum_{k=0}^n A_k f(x_k),$$

onde

$$A_k \int_a^b w(x)l_k(x)dx$$

Prova: Como x_0, x_1, \dots, x_n são raízes de $\phi_{n+1}(x)$, podemos escrever:

$$\phi_{n+1}(x) = a_0(x-x_0)(x-x_1)\dots(x-x_n). \quad (11.25)$$

Seja $P_n(x)$ o polinômio de interpolação de $f(x)$ sobre x_0, x_1, \dots, x_n em $[a, b]$. Sabemos que:

$$f(x) = P_n(x) + R_n(x)$$

onde $R_n(x)$ é o erro na interpolação. Assim:

$$f(x) - P_n(x) = R_n(x) = (x-x_0)(x-x_1)\dots(x-x_n) \frac{f^{(n+1)}(\xi)}{(n+1)!}$$

com $a \leq \xi \leq b$ e ξ dependendo de x .

Então, em vista de (11.25) e de que ξ é função de x , podemos escrever:

$$f(x) - P_n(x) = b_0 \phi_{n+1}(x) \frac{f^{(n+1)}(x)}{(n+1)!}$$

Como $f(x)$ é um polinômio de grau menor ou igual a $2n+1$, temos que:

$$q(x) = \frac{f^{(n+1)}(x)}{(n+1)!}$$

é um polinômio de grau menor ou igual a n . Assim, podemos escrever:

$$f(x) - P_n(x) = b_0 \phi_{n+1}(x) q(x). \quad (11.26)$$

Integrando (11.26) de a até b , com a função peso $w(x)$, obtemos que:

$$\int_a^b w(x)[f(x) - P_n(x)]dx = \int_a^b w(x)b_0 \phi_{n+1}(x)q(x)dx.$$

Pela propriedade 2, o lado direito da igualdade acima é igual a zero. Assim:

$$\int_a^b w(x)[f(x) - P_n(x)]dx = 0,$$

ou

$$\begin{aligned} \int_a^b w(x)f(x)dx &= \int_a^b w(x)P_n(x)dx \\ &= \int_a^b w(x) \left[\sum_{k=0}^n l_k(x)f(x_k) \right] dx \\ &= \sum_{k=0}^n f(x_k) \int_a^b w(x)l_k(x)dx \\ &= \sum_{k=0}^n A_k f(x_k) \end{aligned}$$

Portanto, fica provada a relação (11.24).

Esta propriedade garante então que, para integrar um polinômio de um certo grau k , basta trabalharmos com um polinômio ortogonal de grau aproximadamente $k/2$. E mais, descartados os erros de arredondamento, o resultado deve ser exato.

2-Tipos de Polinômios

Definição dos polinômios ortogonais segundo Mello (2008):

Os polinômios ortogonais com relação ao produto interno $\langle f, g \rangle_\phi = \int_a^b f(x)g(x)d\phi(x)$ no intervalo (a, b) são chamados de polinômios ortogonais clássicos se a função peso correspondente w satisfaz a seguinte equação diferencial

$$\frac{d}{dx}[M(x)w(x)] = N(x)w(x) \quad (2.9)$$

onde

$$M(x) = \begin{cases} 1-x^2, & se(a, b) = (-1, 1) \\ x, & se(a, b) = (0, \infty) \\ 1, & se(a, b) = (-\infty, \infty) \end{cases},$$

e $N(x)$ é um polinômio de grau 1.

A medida $d\phi(x) = w(x)dx$, tal que satisfaz (2.9), será aqui denominada medida clássica.

Os polinômios ortogonais tais que as funções pesos satisfazem (2.9) são os polinômios de Jacobi (incluindo os casos especiais chamados Legendre, Chebyshev e Gegenbauer), Laguerre e Hermite. Estes polinômios possuem muitas propriedades, mas apresentamos as mais importantes delas que podem ser encontradas.

Polinômios de Jacobi

Os polinômios de Jacobi denotados por $P_n^{(\alpha,\beta)}$, são ortogonais no intervalo $(-1,1)$ relação à função peso

$$w(x) = (1-x)^\alpha (1+x)^\beta, \alpha > -1, \beta > -1.$$

onde w satisfaz a equação diferencial (2.9), com

$$M(x) = 1-x^2 \text{ e } N(x) = \beta - \alpha - x(\alpha + \beta + 2)$$

Estes polinômios podem ser definidos pela fórmula de Rodrigues que é dada por

$$P_n^{(\alpha,\beta)}(x) = \frac{(-1)^n \Gamma(n + \alpha + \beta)}{\Gamma(2n + \alpha + \beta)} (1-x)^{-\alpha} (1+x)^{-\beta} \frac{d^n}{dx^n} [(1-x)^{n+\alpha} (1+x)^{n+\beta}]$$

quando estão na forma mônica, onde

$$\Gamma(t) = \int_0^\infty e^{-x} x^{t-1} dx, t \in C \text{ e } \operatorname{Re}(t) > 0$$

é conhecida como função Gama.

Eles também podem ser dados pela forma explícita

$$P_n^{(\alpha,\beta)}(x) = \binom{2n + \alpha + \beta}{n}^{-1} \sum_{m=0}^n \binom{n + \alpha}{n-m} \binom{n + \beta}{m} (x-1)^m (x+1)^{n-m}, \quad (2.10)$$

Onde

$$\binom{a}{b} = \frac{\Gamma(a+1)}{\Gamma(b+1)\Gamma(a-b+1)}.$$

Os polinômios de Jacobi podem, ainda, ser obtidos através da relações de recorrência de três termos

$$P_{n+1}^{(\alpha,\beta)}(x) = (x - \beta_{n+1}^{(\alpha,\beta)})P_n^{(\alpha,\beta)}(x) - \alpha_{n+1}^{(\alpha,\beta)}P_{n-1}^{(\alpha,\beta)}(x), n \geq 1,$$

Onde

$$\alpha_{n+1}^{(\alpha,\beta)} = \frac{4n(n + \alpha)(n + \beta)(n + \alpha + \beta)}{(2n + \alpha + \beta - 1)(2n + \alpha + \beta)^2(2n + \alpha + \beta + 1)}, \quad (2.11)$$

$$\beta_{n+1}^{(\alpha,\beta)} = \frac{\beta^2 - \alpha^2}{(2n + \alpha + \beta + 2)(2n + \alpha + \beta)}, \quad (2.12)$$

$$P_0^{(\alpha,\beta)}(x) = 1 \text{ e } P_1^{(\alpha,\beta)}(x) = x + \frac{\alpha - \beta}{\alpha + \beta + 2} \text{ e além disso,}$$

$$\rho_n^{(\alpha,\beta)}(x) = \langle P_n^{(\alpha,\beta)}, P_n^{(\alpha,\beta)} \rangle = \frac{2^{2n+\alpha+\beta+1} n! \Gamma(n+\alpha+1) \Gamma(n+\beta+1) \Gamma(n+\alpha+\beta+1)}{\Gamma(2n+\alpha+\beta+2) \Gamma(2n+\alpha+\beta+1)} \quad (2.13)$$

Estes polinômios satisfazem a seguinte relação diferencial

$$\left[P_n^{(\alpha,\beta)}(x) \right]' = n P_{n-1}^{(\alpha+1,\beta+1)}(x) .$$

Os casos especiais dos polinômios de Jacobi são

i) os polinômios de Legendre, P_n , com $\alpha = \beta = 0$,

ii) os polinômios de Chebyshev de primeira espécie, T_n , com $\alpha = \beta = -\frac{1}{2}$,

iii) os polinômios de Chebyshev de segunda espécie, U_n , com $\alpha = \beta = \frac{1}{2}$,

iv) os polinômios de Gegenbauer também conhecidos como polinômios Ultrasféricos,

$$G_n^{(\lambda)}, \text{ com } \alpha = \beta = \lambda - \frac{1}{2} .$$

Polinômios de Laguerre

Os polinômios de Laguerre, denotados por $L_n^{(\alpha)}$, são ortogonais no intervalo $(0, \infty)$ com relação à função peso

$$w(x) = x^\alpha e^{-x}, \alpha > -1,$$

onde w satisfaz a equação diferencial (2.9), com

$$M(x) = x \text{ e } N(x) = \alpha + 1 - x$$

Eles podem ser definidos pela fórmula de Rodrigues que é dada por

$$L_n^{(\alpha)}(x) = (-1)^n x^{-\alpha} e^x \frac{d^n}{dx^n} [x^{n+\alpha} e^{-x}]$$

quando estão na forma mônica. E, podem ser dados pela forma explícita

$$L_n^{(\alpha)}(x) = (-1)^n n! \sum_{m=0}^n \frac{(-1)^m}{m!} \binom{n+\alpha}{n-m} x^m .$$

Estes polinômios também podem ser obtidos através da relação de recorrência de três termos

$$L_{n+1}^{(\alpha)}(x) = (x - \beta_{n+1}^{(\alpha)})L_n^{(\alpha)}(x) - \alpha_{n+1}^{(\alpha)}L_{n-1}^{(\alpha)}(x), n \geq 1, \quad (2.14)$$

onde

$$\alpha_{n+1}^{(\alpha)} = n(n + \alpha), \beta_{n+1}^{(\alpha)} = 2n + \alpha + 1, \quad (2.15)$$

$L_0^{(\alpha)}(x) = 1$ e $L_1^{(\alpha)}(x) = x - (\alpha + 1)$ e, além disso,

$$\rho_n^{(\alpha)} = n! \Gamma(n + \beta + 1)$$

Os polinômios de Laguerre satisfazem, ainda, a seguinte relação diferencial

$$\left[L_n^{(\alpha)}(x) \right]' = n L_{n-1}^{(\alpha+1)}(x)$$

e a relação

$$L_n^{(\alpha)}(x) + L_{n-1}^{(\alpha)}(x) = L_n^{(\alpha-1)}(x). \quad (2.17)$$

Polinômios de Hermite

Os polinômios de Hermite, denotados por H_n , são ortogonais no intervalo $(-\infty, \infty)$ com relação à função peso

$$w(x) = e^{-x^2},$$

onde w satisfaz a equação diferencial (2.9), com

$$M(x) = 1 \text{ e } N(x) = -2x$$

Eles podem ser definidos pela fórmula de Rodrigues, que é dada por

$$H_n(x) = (-1)^n \frac{e^{x^2}}{2^n} \frac{d^n}{dx^n} \left[e^{-x^2} \right]$$

quando estão na forma **canônica**. E, podem ser dados pela forma explícita

$$H_n(x) = \sum_{m=0}^{\left[\frac{n}{2} \right]} \frac{(-1)^m n! x^{n-2m}}{4^m m! (n-2m)!},$$

onde $\left[\frac{n}{2} \right]$ denota o maior inteiro menor ou igual a $\frac{n}{2}$.

Estes polinômios também podem ser obtidos através da relação de recorrência de três termos

$$H_{n+1}(x) = xH_n(x) - \frac{n}{2} H_{n-1}(x), n \geq 1,$$

Com $H_0(x) = 1$ e $H_1(x) = x$, além disso,

Os polinômios de Hermite satisfazem ainda, a seguinte relação diferencial

$$H_n'(x) = nH_{n-1}(x).$$

Apresentamos acima um pouco sobre os polinômios clássicos, mas o intuito deste trabalho é estudar os polinômios de Legendre, $P_0(x)$, $P_1(x)$,... .No item a seguir abordaremos mais detalhes sobre este polinômio.

3- Polinômio de Legendre

Brietzke (2010) em seus estudos apresenta as equação de Legendre como:

$$(1-x^2)y'' - 2xy' + p(p+1)y = 0$$

onde p é um parâmetro real a ser escolhido. Vamos ver adiante que esta equação é muito importante nas aplicações. $x_0 = 0$ é um ponto ordinário, pois as funções

$P(x) = -\frac{2x}{1-x^2}$ e $Q(x) = \frac{p(p+1)}{1-x^2}$ são analíticas neste ponto. Suas séries têm raio de

convergência $R = 1$ (são séries geométricas de razão x^2 , por

exemplo, $P(x) = -2x(1+x^2+x^4+\dots) = -2x - 2x^3 - 2x^5 - \dots$). Logo a solução é da forma

$$y = \sum_{n=0}^{\infty} a_n x^n,$$

com raio de convergência $R \geq 1$. Substituindo na equação temos

$$\sum_{n=2}^{\infty} n(n-1)a_n x^{n-2} - \sum_{n=2}^{\infty} n(n-1)a_n x^n - 2 \sum_{n=1}^{\infty} n a_n x^n + p(p+1) \sum_{n=0}^{\infty} a_n x^n = 0$$

Fazendo a mudança de índice $k = n - 2$ no 1º somatório, ele se transforma em

$$\sum_{k=0}^{\infty} (k+2)(k+1)a_{k+2} x^k$$

Podemos usar qualquer outra letra no lugar da letra k , inclusive a letra n novamente. O 2º e o terceiro somatórios podem ser começados em $n = 0$ (fazendo isto entram mais duas parcelas para a soma, só que são ambas nulas). Feito isto, podemos reunir todos os termos em um único somatório

$$\sum_{n=0}^{\infty} [(n+2)(n+1)a_{n+2} - (n(n+1) - p(p+1))a_n]x^n = 0$$

Obtemos, daí, a fórmula de recorrência

$$(n+2)(n+1)a_{n+2} - (n(n+1) - p(p+1))a_n = 0, \text{ para } n = 0, 1, 2, \dots$$

que pode ser reescrita como

$$a_{n+2} = \frac{n(n+1) - p(p+1)}{(n+2)(n+1)} a_n$$

Como vamos aplicar esta fórmula repetidas vezes, com vistas a uma possível simplificação, convém fatorar o numerador. Considerando n como variável e p como constante, o trinômio

$$n(n+1) - p(p+1) = n^2 + n - p(p+1)$$

tem raízes $n_1 = p$ e $n_2 = -p - 1$ e, portanto, se fatora como

$$(n-p)(n+p+1)$$

Finalmente, a fórmula de recorrência toma a forma

$$a_{n+2} = \frac{(n-p)(n+p+1)}{(n+2)(n+1)} a_n$$

Escolhendo, primeiro $a_0 = 1$ e $a_1 = 0$ e depois $a_0 = 0$ e $a_1 = 1$, obtemos

$$y_1 = 1 - \frac{p(p+1)}{2!}x^2 + \frac{p(p-2)(p+1)(p+3)}{2!}x^4 - \dots$$

e

$$y_2 = x - \frac{(p-1)(p+2)}{3!}x^3 + \frac{(p-1)(p-3)(p+2)(p+4)}{5!}x^5 - \dots$$

,

que são duas soluções linearmente independentes com raio de convergência. $R \geq 1$ Uma observação extremamente importante é que se $p = n = 0, 1, 2, 3, \dots$, então uma destas duas soluções é um polinômio de grau n . Por exemplo,

$$\text{para } \rightarrow n = 0, y_1 = 1$$

$$\text{para } \rightarrow n = 1, y_2 = x$$

$$\text{para } \rightarrow n = 2, y_1 = 1 - 3x^2$$

$$\text{para } \rightarrow n = 3, y_2 = x - \frac{5}{3}x^3$$

$$\text{para } \rightarrow n = 4, y_1 = 1 - 10x^2 + \frac{35}{3}x^4$$

É fácil ver que estes polinômios e seus múltiplos são as únicas soluções polinomiais da equação de Legendre. Para padronizar uma maneira de escolher estes múltiplos, multiplicamos por constantes convenientes de modo a ter que o polinômio assume sempre o valor 1, para $x=1$. Normalizados desta maneira, são chamados de **polinômios de Legendre** e denotados por $P_n(x)$. Assim $P_0(x)=1$ e $P_1(x)=x$.

Para $n=2$, $y_1=1-3x^2$ satisfaz $y(1)=-2$. Logo $P_2(x)=\frac{1-3x^2}{-2}=\frac{3}{2}x^2-\frac{1}{2}$

Para $n=3$, $y_2=x-\frac{5}{3}x^3$ satisfaz $y_2(1)=-\frac{2}{3}$ e, portanto,

$$P_3(x)=\frac{x-\frac{5}{3}x^3}{-\frac{2}{3}}=\frac{5}{2}x^3-\frac{3}{2}x$$

$$P_4(x)=\frac{1}{8}(35x^4-30x^2+3)$$

Forma normalizada:

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

Vamos encontrar outra solução linearmente independente para a equação de Legendre pelo método visto na 1ª área.

Para $n=0$, procuramos outra solução na forma $Q_0(x)=v(x)P_0(x)$. É fácil ver que $v(x)$ deve satisfazer

$$(1-x^2)v''-2xv'=0,$$

que, pondo $p=v'$, se reduz à equação separável de 1ª ordem

$$\frac{dp}{dx}=\frac{2x}{1-x^2},$$

para a qual encontramos a solução $p = \frac{1}{1-x^2}$. Segue que $v = \frac{1}{2} \ln \left| \frac{1+x}{1-x} \right|$. Como estamos interessados em resolver a equação no intervalo $(-1,1)$, podemos dispensar os módulos e, finalmente,

$$Q_0(x) = \frac{1}{2} \ln \frac{1+x}{1-x} = \left(\ln \frac{1+x}{1-x} \right)^{\frac{1}{2}}$$

Vê-se que $\lim_{x \rightarrow 1^-} Q_0(x) = +\infty$ e $\lim_{x \rightarrow 1^+} Q_0(x) = -\infty$.

Como já tínhamos, pelo teorema, que $R \geq 1$, concluímos então que, para

$$Q_0(x), R = 1.$$

Conclusão: Para $n=0$, a equação de Legendre tem duas soluções linearmente independentes, uma delas o polinômio $P_0(x)=1$ e a outra a função $Q_0(x)$ ilimitada no intervalo $(-1,1)$. Logo as únicas soluções limitadas no intervalo $(-1,1)$ são os múltiplos de $P_0(x)$.

Para $n=1$, de maneira análoga, duas soluções linearmente independentes são

$$\text{Aqui } P_1(x) = x \text{ e } Q_1(x) = \frac{x}{2} \ln \frac{1+x}{1-x} - 1$$

$$\lim_{x \rightarrow 1^-} Q_1(x) = \lim_{x \rightarrow 1^+} Q_1(x) = +\infty$$

Vale, portanto, a mesma conclusão, isto é, para a equação de Legendre com $n=1$ as únicas soluções limitadas no intervalo $(-1,1)$ são os múltiplos de $P_1(x)$

Continuando este mesmo procedimento, para $n=2$, temos

$$P_2(x) = \frac{3}{2}x^2 - \frac{1}{2} \text{ e } Q_2(x) = \frac{1}{4}(3x^2 - 1) \ln \frac{1+x}{1-x} - \frac{3}{2}x$$

e, para $n = 3$,

$$P_3(x) = \frac{5}{2}x^3 - \frac{3}{2}x \text{ e } Q_3(x) = \frac{1}{4}(5x^3 - 3x) \ln \frac{1+x}{1-x} - \frac{5}{2}x^2 + \frac{2}{3}$$

Em geral mostra-se, mas isto não será feito aqui, que uma segunda solução da equação de Legendre é

$$Q_n(x) = \frac{1}{2}P_n(x) \ln \frac{1+x}{1-x} + \sum_{j=0}^s \frac{2n-4j-1}{(2j+1)(n-j)} P_{n-2j-1}(x),$$

onde $s = \left[\frac{n-1}{2} \right]$ é o maior inteiro que é menor ou igual a $\frac{n-1}{2}$

Conclusão: Qualquer que seja $n = 0,1,2,3,\dots$, as únicas soluções limitadas no intervalo $(-1,1)$ da equação de Legendre são os múltiplos do polinômio $P_n(x)$.

Assim, para padronizar uma maneira de escolher um múltiplo para o polinômio, multiplicamos por constantes convenientes de modo a ter que o polinômio assume sempre o valor 1, para $x=1$. Normalizados desta maneira, são conhecidos como polinômios de Legendre. Podemos então apresentar da seguinte maneira:

n	$P_n(x)$
0	1
1	x
2	$\frac{1}{2}(3x^2 - 1)$
3	$\frac{1}{2}(5x^3 - 3x)$
4	$\frac{1}{8}(35x^4 - 30x^2 + 3)$
5	$\frac{1}{8}(63x^5 - 70x^3 + 15x)$
6	$\frac{1}{16}(231x^6 - 315x^4 + 105x^2 - 5)$
7	$\frac{1}{16}(429x^7 - 693x^5 + 315x^3 - 35x)$
8	$\frac{1}{128}(6435x^8 - 12012x^6 + 6930x^4 - 1260x^2 + 35)$
9	$\frac{1}{128}(12155x^9 - 25740x^7 + 18018x^5 - 4620x^3 + 315x)$
10	$\frac{1}{256}(46189x^{10} - 109395x^8 + 90090x^6 - 30030x^4 + 3465x^2 - 63)$

Obs: Um fato verdadeiro, mas que não ficou justificado ainda, é que para outros valores de p , que não os da forma $p = n(n+1)$, a equação de Legendre não tem solução limitada no intervalo $(-1,1)$, além da trivial. Os livros que dão um tratamento mais elementar costumam ser omissos neste ponto, mas vamos dar aqui uma justificativa, conforme Courant-Hilbert (1989).

Afirmção: Se p não é um inteiro $p \geq 0$, não existe solução que seja limitada no intervalo $(-1,1)$ para a equação de Legendre

$$(1-x^2)y'' - 2xy' + p(p+1)y = 0,$$

a não ser a solução trivial $y = 0$.

Demonstração:

Começamos notando que se $y = f(x)$ é uma solução da equação de Legendre, então

$y_1 = f(-x)$ também é. Logo as funções

$y_p(x) = \frac{1}{2}(f(x) + f(-x))$ e $y_i(x) = \frac{1}{2}(f(x) - f(-x))$ também são soluções. Mas $y_p(x)$ é

par e $y_i(x)$ é ímpar, com $y(x) = f(x) = y_p(x) + y_i(x)$. Portanto, para provar que se p não é um inteiro ≥ 0 a equação de Legendre não tem solução não trivial limitada no intervalo $(-1,1)$, basta provar que não existe uma solução limitada que seja par ou ímpar. Basta mostrar que se y for uma solução da equação de Legendre, limitada no intervalo $(-1,1)$, par ou ímpar, então $p = n$ para algum $n = 0,1,2,3,\dots$ e y é um polinômio. Chamamos $\lambda := p(p+1)$. A fórmula de recorrência pode ser reescrita como

$$a_{n+2} = \frac{n(n+1) - \lambda}{(n+1)(n+2)} a_n$$

e, portanto,

$$a_n = \frac{(n-2)(n-1) - \lambda}{(n-1)n} a_{n-2}.$$

Note que o numerador nunca será nulo. Supondo $y(x)$ par (ímpar) vamos ter $a_n \neq 0$ somente para n par (ímpar). Vamos supor que uma dessas duas situações ocorre. Aplicando a recorrência repetidas vezes obtemos

$$a_n = \frac{(n-2)(n-1)-\lambda}{(n-1)n} \cdot \frac{(n-4)(n-3)-\lambda}{(n-3)(n-2)} \cdot \frac{(n-6)(n-5)-\lambda}{(n-5)(n-4)} \cdots \frac{(k+1)k-\lambda}{(k+2)(k+1)} a_k$$

onde k é par (ímpar) se n for par (ímpar). Então

$$\begin{aligned} a_n &= \frac{1}{n} \cdot \frac{(n-2)(n-1)-\lambda}{(n-1)(n-2)} \cdot \frac{(n-4)(n-3)-\lambda}{(n-3)(n-4)} \cdots \frac{(k+1)k-\lambda}{k(k+1)} k a_k = \\ &= \frac{1}{n} \left(1 - \frac{\lambda}{(n-1)(n-2)} \right) \left(1 - \frac{\lambda}{(n-3)(n-4)} \right) \cdots \left(1 - \frac{\lambda}{(k+1)k} \right) k a_k \end{aligned}$$

Vamos deixar $n \rightarrow \infty$, mantendo k fixo, mas suficientemente grande para que

$k(k+1) > \lambda$ e portanto $1 - \frac{\lambda}{(k+1)k} > 0$. Para concluir o raciocínio, necessitamos um

resultado auxiliar.

Lema 1. Para todo t com $0 < t < 1$, vale $\ln(1-t) \geq -t$

Demonstração:

Usando a série de Taylor

$$-\ln(1-t) = t + \frac{t^2}{2} + \frac{t^3}{3} + \frac{t^4}{4} + \dots \geq t$$

para todo t com $0 < t < 1$ e segue a desigualdade.

Lema 2. Se $0 < b_n < 1$, para todo n , com $B := \sum b_n < \infty$, então

$$(1-b_1)(1-b_2)\dots(1-b_n) \geq e^{-B}$$

Demonstração:

Pelo Lema 1, para cada fator, tem-se

$$1-b_j \geq e^{-b_j}$$

Segue que

$$(1-b_1)(1-b_2)\dots(1-b_n) \geq e^{-b_1} e^{-b_2} \dots e^{-b_n} = e^{-(b_1+b_2+\dots+b_n)} \geq e^{-B}$$

Aplicando o Lema 2 à desigualdade obtida acima, segue que existe uma constante $c > 0$

tal que $|a_n| \geq \frac{c}{n}$, para todo $n > k$ par (ímpar) $\sum_{j=k}^n a_j x^j$

Como a série dos $\sum \frac{1}{n}$, n par (ímpar) é divergente, segue que se torna arbitrariamente grande para x próximo de 1 e n grande, mostrando que $\lim_{x \rightarrow 1^-} |y(x)| = \infty$, provando a afirmação.

Fórmula de Rodrigues: Vale a seguinte expressão para os polinômios de Legendre:

$$P_n(x) = \frac{1}{n!2^n} \frac{d^n}{dx^n} [(x^2 - 1)^n]$$

Não demonstraremos este fato aqui, apenas diremos que ele pode ser provado em 3 etapas:

$$R_n(x) = \frac{1}{n!2^n} \frac{d^n}{dx^n} [(x^2 - 1)^n]$$

Seja

1ª) Como $(x^2 - 1)^n$ tem grau $2n$, $R_n(x)$ tem grau n

2ª) Mostrar que $R_n(x)$ satisfaz a equação de Legendre.

3ª) Mostrar que $R(1) = 1$

Como $P_n(x)$ é o único polinômio que satisfaz a equação de Legendre e assume o valor 1 para $x = 1$, fica então provado que $R(x) = P_n(x)$

Função Geradora: A função $G(x, t) = \frac{1}{\sqrt{1 - 2xt + t^2}}$ satisfaz

$$G(x, t) = \frac{1}{\sqrt{1 - 2xt + t^2}} \sum_{n=0}^{\infty} P_n(x) t^n, \text{ para } |x| \leq 1 \text{ e } |t| < 1.$$

Não daremos propriamente uma demonstração deste fato. Apenas notamos que substituindo $u = t^2 - 2xt$ na série binomial

$$(1+u)^{-\frac{1}{2}} = 1 - \frac{1}{2}u + \frac{1.3}{2.4}u^2 - \frac{1.3.5}{2.4.6}u^3 + \dots$$

obtemos

$$\begin{aligned} G(x,t) &= 1 - \frac{1}{2}(t^2 - 2xt) + \frac{1.3}{2.4}(t^2 - 2xt)^2 - \frac{1.3.5}{2.4.6}(t^2 - 2xt)^3 + \dots = \\ &= 1 - \frac{1}{2}(t^2 - 2xt) + \frac{3}{8}(t^4 - 4xt^3 + 4x^2t^2) - \frac{15}{48}(t^6 - 6xt^5 + 24x^2t^4 - 8x^3t^3) + \dots \end{aligned}$$

Agrupando os termos e colocando em evidência as potências de t obtemos

$$G(x,t) = 1 + xt + \left(\frac{3}{2}x^2 - \frac{1}{2}\right)t^2 + \left(\frac{5}{2}x^3 - \frac{3}{2}x\right)t^3 + \dots = \sum_{n=0}^{\infty} P_n(x)t^n.$$

A função geradora encerra várias propriedades da família dos polinômios de Legendre. Vamos ver nos exercícios que muitas outras famílias de polinômios ou funções também possuem a sua função geradora. Abaixo vamos mostrar como várias dessas propriedades podem ser deduzidas a partir da função geradora. O mesmo tipo de raciocínio se aplica a outras famílias de funções.

Propriedades.

1. $P_n(1) = 1$

Demonstração: Fazendo $x = 1$ na função geradora,

$$G(1,t) = \frac{1}{\sqrt{1-2t+t^2}} = \sum_{n=0}^{\infty} P_n(1)t^n.$$

Portanto

$$\sum_{n=0}^{\infty} P_n(1)t^n = \frac{1}{\sqrt{(1-t)^2}} = \frac{1}{1-t} = \sum_{n=0}^{\infty} t^n.$$

Comparando os coeficientes dos t^n nos dois lados da igualdade, obtemos finalmente

$$P_n(1) = 1$$

2. $P_n(-x) = (-1)^n P_n(x)$, isto é, se n for par, então $P_n(x)$ é função par (só envolve potências de x com expoente par) e analogamente para n ímpar.

Demonstração: A função geradora $G(x,t) = \frac{1}{\sqrt{1-2xt+t^2}}$ satisfaz $G(x,t) = G(-x,-t)$.

Logo

$$\sum_{n=0}^{\infty} P_n(x)t^n = \sum_{n=0}^{\infty} P_n(-x)(-t)^n = \sum_{n=0}^{\infty} (-1)^n P_n(-x)t^n$$

Comparando os coeficientes dos t^n nos dois lados da igualdade, obtemos

$$P_n(-x) = (-1)^n P_n(x).$$

3.
$$P_{2n}(0) = \frac{(-1)^n 1.3.5 \dots (2n-1)}{n!2^n} \text{ e } P_{2n+1}(0) = 0 .$$

Demonstração: Fazendo $x = 0$ na função geradora,

$$G(0,t) = \frac{1}{\sqrt{1+t^2}} = \sum_{n=0}^{\infty} P_n(0)t^n$$

Usando a série binomial

$$(1+s)^a = 1 + as + \frac{1}{2!} a(a-1)s^2 + \frac{1}{3!} a(a-1)(a-2)s^3 + \dots,$$

com $s = t^2$ e $a = -\frac{1}{2}$, obtemos

$$\frac{1}{\sqrt{1+t^2}} = 1 - \frac{1}{2}t^2 + \frac{1.3}{2!.2^2}t^4 - \frac{1.3.5}{3!.2^3}t^6 + \dots$$

Comparando as duas expressões para $\frac{1}{\sqrt{1+t^2}}$, obtemos

$$P_{2n}(0) = \frac{(-1)^n 1.3.5 \dots (2n-1)}{n!2^n} \text{ e } P_{2n+1}(0) = 0$$

Se quisermos, podemos ainda reescrever

$$P_{2n}(0) = \frac{(-1)^n 1.3.5 \dots (2n-1)}{2.4.6 \dots (2n)} = \frac{(-1)^n (2n)!}{(2.4.6 \dots (2n))^2} = \frac{(-1)^n (2n)!}{(n!)^2 2^{2n}}.$$

4.
$$\int_0^1 P_{2n-1}(x)dx = (-1)^n \frac{1.3.5 \dots (2n-3)}{n!2^n} \text{ para } n \geq 2 \text{ e}$$

$$\int_0^1 P_{2n}(x)dx = 0, \text{ para } n \geq 1$$

Demonstração: Integrando $G(x, t) = (1 - 2xt + t^2)^{-\frac{1}{2}} = \sum_{n=0}^{\infty} P_n(x)t^n$ em relação a x , temos

$$\begin{aligned} \sum_{n=0}^{\infty} t^n \int_0^1 P_n(x) dx &= \int_0^1 (1 - 2xt + t^2)^{-\frac{1}{2}} dx = - \frac{(1 - 2xt + t^2)^{\frac{1}{2}}}{t} \Bigg|_{x=0}^{x=1} \\ &= \left[(1 + t^2)^{\frac{1}{2}} - (1 - t) \right] = \frac{1}{t} \left[t + \frac{1}{2} t^2 - \frac{1}{2!} \frac{1}{2^2} t^4 + \frac{1}{3!} \frac{1 \cdot 3}{2^3} t^6 - \dots \right] \\ &= 1 + \frac{1}{2} t - \frac{1}{2!} \frac{1}{2^2} t^3 + \frac{1}{3!} \frac{1 \cdot 3}{2^3} t^5 - \dots \end{aligned}$$

Comparando os coeficientes de t^n nos dois lados, obtém-se a conclusão.

Vejamos mais algumas propriedades simples:

5. $P_n(-1) = (-1)^n$

Para provar basta combinar as propriedades 1 e 2.

6. $P_n'(1) = \frac{1}{2} n(n+1)$

Para provar basta fazer $x = 1$ na equação de Legendre.

Vejamos agora uma propriedade importantíssima dos Polinômios de Legendre.

Ortogonalidade. $\int_{-1}^1 P_n(x) P_m(x) dx = 0$, para $n \neq m$, isto é, os $P_n(x)$ são ortogonais em relação ao produto interno

$$\langle f(x), g(x) \rangle = \int_{-1}^1 f(x)g(x) dx$$

Demonstração: Escrevendo a equação de Legendre para $P_n(x)$, temos

$$(1 - x^2)P_n''(x) - 2xP_n'(x) + n(n+1)P_n(x) = 0$$

ou ainda,

$$\frac{d}{dx} \left((1 - x^2)P_n'(x) \right) + n(n+1)P_n(x) = 0.$$

Multiplicando por $P_m(x)$ e integrando, temos

$$n(n+1)\int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx = -\int_{-1}^1 P_m(x)\frac{d}{dx}\left((1-x^2)P_n'(x)\right)dx$$

Integrando por partes,

$$n(n+1)\int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx = \left.(1-x^2)P_n'(x)P_m(x)\right|_{-1}^1 + \int_{-1}^1 (1-x^2)P_n'(x)P_m'(x)dx,$$

isto é,

$$n(n+1)\int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx = \int_{-1}^1 (1-x^2)P_n'(x)P_m'(x)dx$$

Trocando os papéis de n e m (que equivale a começar com a equação de $P_m(x)$ e multiplicar por $P_n(x)$), temos, analogamente, que

$$m(m+1)\int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx = \int_{-1}^1 (1-x^2)P_n'(x)P_m'(x)dx$$

Segue daí que

$$n(n+1)\int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx = m(m+1)\int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx$$

Portanto

$$\int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx = 0, \text{ se } n \neq m.$$

Norma. $\int_{-1}^1 (P_n(x))^2 dx = \frac{2}{2n+1}$

Demonstração:

Multiplicando a identidade $\frac{1}{\sqrt{1-2xt+t^2}} = \sum_{n=0}^{\infty} P_n(x)t^n$ por si própria, obtemos

$$\begin{aligned} \frac{1}{1-2xt+t^2} &= \frac{1}{\sqrt{1-2xt+t^2}} \cdot \frac{1}{\sqrt{1-2xt+t^2}} \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} P_n(x)t^n \sum_{m=0}^{\infty} P_m(x)t^m = \sum_{n,m=0}^{\infty} P_n(x)P_m(x)t^{n+m} \end{aligned}$$

Integrando em relação a x , obtemos

$$\int_{-1}^1 \frac{dx}{1-2xt+t^2} = \sum_{n,m=0}^{\infty} t^{n+m} \int_{-1}^1 P_n(x)P_m(x)dx$$

Usando a ortogonalidade dos $P_n(x)$, na soma acima sobram só as parcelas em que $m = n$ e, portanto,

$$\int_{-1}^1 \frac{dx}{1-2xt+t^2} = \sum_{n=0}^{\infty} t^{2n} \int_{-1}^1 (P_n(x))^2 dx$$

Por outro lado,

$$\begin{aligned} &= \frac{1}{t} (\ln(1+t) - \ln(1-t)) = \frac{1}{t} \left[\left(t - \frac{t^2}{2} + \frac{t^3}{3} - \frac{t^4}{4} + \dots \right) + \left(t + \frac{t^2}{2} + \frac{t^3}{3} + \frac{t^4}{4} + \dots \right) \right] \\ &= 2 \left(1 + \frac{t^2}{3} + \frac{t^4}{5} + \dots \right) = \sum_{n=0}^{\infty} \frac{2}{2n+1} t^{2n} . \end{aligned}$$

Comparando os coeficientes de t^{2n} nas duas séries, obtemos, finalmente,

$$\int_{-1}^1 (P_n(x))^2 dx = \frac{2}{2n+1}$$

Obs: É fácil ver que $P_0(x), P_1(x), \dots, P_{n-1}(x)$ são linearmente independentes no espaço vetorial n -dimensional dos polinômios de grau menor ou igual a $n-1$. Constituem, portanto, uma base deste espaço. Segue daí e da ortogonalidade, que para qualquer polinômio $p(x)$ de grau menor que n tem-se

$$\int_{-1}^1 p(x) P_n(x) dx = 0$$

Em particular, $\int_{-1}^1 x^m P_n(x) dx = 0$, para todo $m < n$.

BIBLIOGRAFIAS

BRIETZKE, Eduardo H. M.. **Polinômio de Legendre – parte 1**. Rio Grande do Sul. Disponível em: <http://www.mat.ufrgs.br/~brietzke/leg1/leg1.html>. Acesso em 20 de outubro de 2010.

CUMINATO, José Alberto. **Cálculo numérico**. São Paulo, 2005. Disponível em: http://www.simulab.uel.br/hoto/grad/numerico_mat/textos/cuminato.pdf. Acesso em 26 de setembro de 2010.

GIULIANI, Caio Merlini ; DIAS, Bruno Pereira; OLIVEIRA, J'auber. **Um estudo dos fundamentos dos métodos espectrais com aplicações computacionais II**. Florianópolis, 2006. Disponível em: http://wwwimpa.br/opencms/pt/eventos/downloads/jornadas_2006/trabalhos/jornadas_bruno_dias.pdf . Acesso em 5 de outubro de 2010

GORJANC, Gregor. **Fitting Legendre (orthogonal) polynomial in R** . Slovenia, 2009. Disponível em: <http://ggorjan.blogspot.com/2009/02/fitting-legendre-orthogonal-polynomials.html>. Acesso em 28 de setembro de 2010.

MELLO, Mirela Vanina. **Zeros de Polinômios Ortogonais de Sobolev-Jacobi e Sobolev-Laguerre**. Dissertação (de Mestrado em Matemática). 2008. 95f. Universidade Estadual Paulista, São José do Rio Preto, 2008.

R. COURANT AND D. HILBERT. **Methods of Mathematical Physics**. Vol. I. John Wiley & Sons (1989).

REBELLO, Tomás Chacón, et al. **Actas del encuentro de matemáticos andaluces**. Vol I . Pielos Talleres gráficos, S.L., Gamas, Sevilla, 2001.

APÊNDICE C – Programas utilizados

1) Códigos para o software QXPAK: cálculo da matriz IBD para cada posição do cromossomo

Arquivo de parâmetros (extensão .txt)

ML_OPTION

Y

PRINT_SOLUTIONS

No

PRINT_RESIDUALS

No

PRINT_LD

No

DATAFILE

teat_orig.dat

OUTFILE

teat_orig.out # arquivo em branco para armazenar os resultados

MARKERFILE

mark.mkr

PEDIGREEFILE

pedig.ped

MARKER_POSITIONS

chr7 0 31.0 65.0 96.0 108.0 136.0

NUMBER_OF_MCMC_ITERATIONS

1000

SCAN_STEP

1.0

QTL

qtl_1 ran_1 chr7 all

EFFECT

infinitesimal cross 1 add_animal pedig.ped

GC cross 19

TRAIT

```
t1 6 GC infinitesimal qtl_1
TEST
qtl_1
```

teat_orig.dat

Arquivo de dados (extensão .dat): indivíduo, efeitos fixos, característica.

86	111	14
87	111	13
88	211	12
89	211	12
90	211	12
91	212	12
92	112	12
93	112	11
94	112	12
95	112	13

mark.mkr

Arquivo de marcadores (extensão .mkr): indivíduo, alelo 1 marcador 1, alelo 2
marcador 1, , alelo 1 marcador 6, alelo 2 marcador 6

chr7

86	108	108	109	113	126	132	171	177	159	175	225	227
87	108	108	109	109	132	136	171	171	175	177	227	233
88	108	108	109	113	126	132	177	183	159	167	233	233
89	108	114	109	113	126	132	177	183	159	167	225	227
90	108	114	109	109	118	126	171	171	175	177	227	233
91	108	108	109	109	132	136	171	171	175	177	227	233
92	108	108	109	113	118	126	171	177	159	175	225	233
93	108	114	109	119	118	120	171	187	167	175	227	233
94	114	114	97	109	126	132	171	181	167	173	233	233
95	108	114	0	0	118	120	171	181	167	175	227	233

pedig.ped

Arquivo de pedigree (extensão .ped): indivíduo, pai, mãe, coluna de 1, sexo.

```
1  0  0  1  1
2  0  0  1  1
3  0  0  1  2
```

OBS. As matrizes IBD foram armazenadas em arquivos com extensão zran.10000 para a primeira posição, zran.20000 para a segunda, e assim até a última.

2-) Códigos para o software WOMBAT: ajuste do modelo de regressão aleatória com efeito aleatório extra de QTL com matriz de covariância sendo a IBD calculada anteriormente pelo software QXPAK.

Arquivo de parâmetros (extensão .par)

COM MRR

ANAL RR

PEDS ped_new.txt

DATA **dataw3_new.txt**

animal

sire

dam

cgroup 19

qtl1 405

subject 405

tln

y

class 53

END

MODEL

```

  FIX cgroup
  COV tln(1)
  COV class(3,leg)
  RRC class
  RAN animal(3,leg) nrm
  RAN qt11(2,leg) GIN
  RAN subject(3,leg)
  trait y

```

END MOD

VAR animal 3

```

29.027    16.689    -0.32514
11.312    1.3595
1.3968

```

VAR qt11 2

```

29.027    16.689
11.312

```

VAR subject 3

```

26.973    25.202    8.3141
23.550    7.7710
2.5651

```

VAR residual 1 HOM 53

1 300

ped_new.txt

Arquivo de pedigree: indivíduo, pai, mãe.

```

1  0  0
2  0  0
3  0  0

```

dataw3_new.txt

Arquivo de dados: indivíduo, pai, mãe, efeitos fixos, indivíduo, indivíduo, covariável (tamanho da leitegada ao desmame), característica (peso), [classe](#).

```

86  45  82  111  86  86  8  1.38  1
86  45  82  111  86  86  8  6.86  21

```

86	45	82	111	86	86	8	9.91	42
86	45	82	111	86	86	8	17.03	63
86	45	82	111	86	86	8	21.42	77
86	45	82	111	86	86	8	33.05	115
86	45	82	111	86	86	8	62.05	148
87	45	82	111	87	87	8	1.12	1
87	45	82	111	87	87	8	5.75	21
87	45	82	111	87	87	8	8.86	42
87	45	82	111	87	87	8	20.6	63
87	45	82	111	87	87	8	21.7	77
87	45	82	111	87	87	8	36.03	115
87	45	82	111	87	87	8	64.5	146

qt11.GIN

Arquivo de valores da matriz IBD inversa (triangular superior): linha, coluna, valor
0.000

1 1 1.934476518
 1 2 0.0042771766
 2 2 1.953801409
 1 3 -0.031400972
 2 3 -0.924652854
 3 3 1.9465404244
 1 4 -0.488709121
 2 4 -0.040642394
 3 4 -0.462223616

OBS. Os modelos de regressão aleatória foram ajustados para cada uma das 11 posições avaliadas (Figura 1), sendo que em cada uma delas utilizou-se uma matriz IBD diferente. Estas foram identificadas como **qt11.GIN**, **qt12.GIN**, ..., **qt111.GIN**.