

GILBERTO ROMEIRO DE OLIVEIRA MENEZES

**USO DE POLINÔMIOS SEGMENTADOS NA MODELAGEM  
DE DADOS LONGITUDINAIS DE PONDERAL EM BOVINOS  
DA RAÇA TABAPUÃ**

Tese apresentada à  
Universidade Federal de Viçosa, como  
parte das exigências do Programa de  
Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento, para obtenção do título de  
*Doctor Scientiae*

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2010

GILBERTO ROMEIRO DE OLIVEIRA MENEZES

**USO DE POLINÔMIOS SEGMENTADOS NA MODELAGEM  
DE DADOS LONGITUDINAIS DE PONDERAL EM BOVINOS  
DA RAÇA TABAPUÃ**

Tese apresentada à  
Universidade Federal de Viçosa, como  
parte das exigências do Programa de  
Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento, para obtenção do título de  
*Doctor Scientiae*

APROVADA: 01 de setembro de 2010.

---

Dr. Roberto Augusto de Almeida  
Torres Júnior  
(Co-orientador)

---

Prof. Ricardo Frederico Euclides  
(Co-orientador)

---

Prof. Fabyano Fonseca e Silva

---

Prof. Antônio Policarpo Souza  
Carneiro

---

Prof. Robledo de Almeida Torres  
(Orientador)

**Aos meus pais José Romeiro e Maura, minha irmã Marcella e  
ao meu amor Marjorie;**

**Dedico este trabalho.**

***“If I can see far, it is only because I stand on the shoulders of  
giants.”***

***Sir Isaac Newton***

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Departamento de Zootecnia e o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização deste curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo.

À Embrapa Gado de Corte, por disponibilizar sua estrutura que foi importante para a realização deste trabalho.

Ao meu grande orientador e mestre, Prof. Robledo de Almeida Torres, pela confiança, amizade, paciência, referência e orientação.

Ao Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior, pelos grandes ensinamentos, pela paciência, confiança, amizade e participação na banca examinadora.

Ao Prof. Ricardo Frederico Euclides (Bajá), pelo convívio, risadas, amizade e participação na banca examinadora.

Ao Prof. Antônio Policarpo Souza Carneiro, pelos ensinamentos, apoio, amizade e participação na banca examinadora.

Ao Prof. Fabyano Fonseca e Silva, pela amizade, sugestões e participação na banca examinadora.

Ao Dr. Luiz Otávio Campos da Silva, pesquisador da Embrapa Gado de Corte e gerente do Arquivo Zootécnico Nacional, pela concessão do conjunto de dados utilizados neste trabalho e, pelos grandes ensinamentos, apoio e amizade.

À Andrea Gondo, analista da Embrapa Gado de Corte, pelo apoio, amizade e ensinamentos.

Ao Dr. Shogo Tsuruta, da University of Georgia, pelo grande suporte dado na utilização dos programas computacionais utilizados na realização deste trabalho.

Aos meus pais, José Romeiro e Maura, pelo amor, educação, paz e exemplo de vida, que me possibilitaram chegar até aqui.

À minha irmã Marcella, pelo amor, apoio e bondade.

Ao meu amor, Marjorie, pelo amor, companheirismo, paciência, zelo que foram fundamentais na minha caminhada até aqui.

A todos os meus demais familiares, pela torcida e carinho.

Aos doutores Rodolpho de Almeida Torres Filho, José Lindenberg Rocha Sarmiento, Marcelo Silva de Freitas e Marcos Yamaki, meus queridos amigos Rodolphinho, Lindenberg, Marcelinho e 2mi2, pelo incentivo, paciência, ensinamentos e amizade.

Aos amigos do Melhoramento Animal / UFV (GDMA), que são muitos, graças a Deus, pela amizade e companheirismo desde agosto de 2003.

Aos grandes amigos Vaca Magra pela amizade, companheirismo e alegria.

Aos amigos de Campo Grande por todo o apoio e amizade que me proporcionaram durante minha estadia nesta cidade, fazendo me sentir em casa.

A todos os professores que tive ao longo da vida que tanto me ensinaram e ajudaram.

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

A Deus por tudo!!!!!!!!!!!!!!

## BIOGRAFIA

GILBERTO ROMEIRO DE OLIVEIRA MENEZES, filho de José Romeiro de Menezes e Maura Zulma de Oliveira Menezes, nasceu em 14 de julho de 1983, em Abaeté, estado de Minas Gerais, Brasil.

Em maio de 2002, iniciou o curso de Zootecnia, pelo Departamento de Zootecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa – MG, onde foi estagiário por dois anos e bolsista por um ano, acompanhando e desenvolvendo pesquisas na área de Melhoramento Genético Animal, sob orientação do professor Dr. Robledo de Almeida Torres.

Em outubro de 2006, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa.

Em outubro de 2006, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

Em fevereiro de 2008, submeteu-se aos exames finais de defesa de tese para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Genética e Melhoramento.

Em março de 2008, iniciou o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

Em 01 de setembro de 2010, submeteu-se aos exames finais de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Genética e Melhoramento.

## ÍNDICE

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	x
INTRODUÇÃO.....	1
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	6
MATERIAL E MÉTODOS.....	32
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	47
CONCLUSÕES.....	74
BIBLIOGRAFIA.....	75
ANEXO.....	80

## RESUMO

MENEZES, Gilberto Romeiro de Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2010. **Uso de polinômios segmentados na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos da raça Tabapuã.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Co-orientadores: Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior e Ricardo Frederico Euclides.

Foram utilizados registros de peso do 1<sup>o</sup> ao 600<sup>o</sup> dia de idade de 84.215 bovinos da raça Tabapuã com o objetivo de avaliar o uso de polinômios segmentados lineares do tipo B na modelagem de dados longitudinais de ponderal utilizando modelo de regressão aleatória (MRA). Para a comparação dos resultados obtidos com MRA, análise multicaracterística padrão foi realizada com pesos pré-ajustados aos 120, 240, 360 e 480 dias. Um MRA foi aplicado a um arquivo de dados semelhante ao usado na análise multicaracterística (mesmos animais e registros de peso, porém sem pré-ajuste para as idades avaliadas - MRA1) e outro foi aplicado ao arquivo de dados completo (mesmos animais, porém com todos os registros de peso disponíveis destes animais - MRA2). MRA1 e MRA2 incluíram efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, se diferenciando pelo número de classes de resíduo, quatro para MRA1 e seis para MRA2. Seis nós localizados nos pontos 0, 120, 240, 360, 480 e 600 dias foram considerados para MRA1 e MRA2. A estimação dos componentes de (co) variância para os três modelos foi realizada usando

abordagem Bayesiana via amostrador de Gibbs. De maneira geral, os três modelos geraram componentes de (co) variância e parâmetros genéticos semelhantes para peso aos 120, 240, 360 e 480 dias. MRA1 apresentou problemas na modelagem dos extremos da faixa de dados avaliada. Quanto à classificação por valores genéticos, os modelos, também, de forma geral, foram similares, observando-se as maiores diferenças na avaliação de animais com menos informações. Diante dos resultados encontrados e, por permitir maior aproveitamento dos dados disponíveis bem como não necessitar de pré-ajustamento dos dados, a utilização de polinômios segmentado lineares do tipo B em MRA pode ser recomendada para uso em avaliação genética de dados longitudinais de ponderal de bovinos de corte.

## ABSTRACT

MENEZES, Gilberto Romeiro de Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September, 2010. **Use of spline functions to model longitudinal weight data in Tabapuã cattle.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-advisers: Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior e Ricardo Frederico Euclides.

Weight records from the 1<sup>st</sup> to 600<sup>th</sup> day of age of 84,215 animals of the Tabapuã's breed were used in order to evaluate the use of linear B-splines functions in the modeling of longitudinal weight data using random regression model (RRM). To compare the results obtained with RRM, multi-trait analysis was performed with standard pre-adjusted weights at 120, 240, 360 and 480 days. A RRM was applied to a data file similar to the one used to multi-trait analysis (same animals and weight records, but without pre-adjust for the evaluated ages - RRM1) and another was applied to complete data file (same animals, but with all available weight records from these animals - RRM2). RRM1 and RRM2 included direct and maternal additive genetic and direct and maternal permanent environment random effects, differentiating by the number of residual classes, four to RRM1 and six to RRM2. Six knots located at points 0, 120, 240, 360, 480 and 600 days were considered for RRM1 and RRM2. The estimation of (co) variance components for the three models was performed using Bayesian approach via Gibbs sampling. In general, the three models generated (co) variance components and genetic

parameters similar for weight at 120, 240, 360 and 480 days. RRM1 presented problems in the modeling of the extremes of the range of data evaluated. Regarding the classification by breeding values, the models also generally were similar, with larger differences in the assessment of animals with less information. Considering the results, and, for allowing better use of available data and for not requiring pre-adjustment at data, the use of linear B-spline functions in RRM should be recommended for use in genetic evaluation of longitudinal weight data in beef cattle.

## Introdução

A atual conjuntura sócio-econômica mundial, na qual constante busca por eficiência é indispensável para o sucesso de qualquer atividade econômica, impõe à bovinocultura de corte, desafios diários. Neste contexto, em nível de Brasil, a concorrência com a cadeia produtiva da carne de frango, o aumento da consciência ambiental limitando a expansão das fronteiras agropecuárias, bem como a intensa competição por terras com a cana-de-açúcar usada na produção de álcool, podem ser listados como obstáculos que somente por meio de constante incremento de eficiência serão superados pela bovinocultura de corte brasileira. Esta realidade exige (e exigirá) o máximo das diversas áreas que englobam o sistema de produção de carne bovina, i.e. nutrição, sanidade, ambiência, gestão, melhoramento genético. O melhoramento genético é sem dúvida um dos principais fatores responsáveis pelos avanços já alcançados como também é um dos meios mais promissores para aumento da eficiência na atividade.

O melhoramento genético de um rebanho ou de uma raça é um processo que passa pela coleta e o registro de medidas dos animais relacionadas com a eficiência econômica do sistema de produção. Essas medidas (fenótipo) podem ser utilizadas diretamente na orientação das decisões de um programa de melhoramento, mas, a cada dia, se torna mais comum o uso de métodos bastante elaborados de processamento dessas medidas, de forma a se obter informações de qualidade superior e uma maior correção nas decisões tomadas (Torres Júnior & Silva, 2008).

Segundo Sakaguti (2000), a geração dos dados necessários aos programas de melhoramento genético dos rebanhos é processo oneroso, pois requer tempo, recursos humanos e financeiros nas etapas de criação dos animais, coleta dos dados no campo e posterior armazenamento em arquivos. Em geral, as associações brasileiras de raças de bovinos de corte possuem sistema de coleta de informações conhecido como "Controle de Desenvolvimento Ponderal" (CDP), por meio do qual os animais são pesados várias vezes ao longo de suas vidas (ABCZ, 2009a). Entretanto, algumas dessas informações não são efetivamente aproveitadas nas avaliações genéticas dos animais.

Os atuais programas de avaliação genética de bovinos de corte no Brasil utilizam dados do CDP no cálculo de pesos dos animais, em algumas idades (e.g., 120, 205, 240, 365, 420, 450 e 550 dias de idade) definidas como "padrão", seguindo determinados critérios de ajustamento (ABCZ, 2009b; ANCP, 2009). Os pesos, em cada uma dessas idades, são considerados observações de características diferentes. As avaliações genéticas têm sido realizadas segundo a metodologia de modelos mistos, considerando-se um modelo animal bicaracterístico completo, específico para cada característica, incluindo, como característica relacional ou característica âncora, peso aos 120 dias de idade (P120) ou peso aos 240 dias de idade (P240 – peso à desmama) (ABCZ, 2009b; ANCP, 2009).

Um tópico de muita discussão hoje entre os geneticistas de bovinos de corte é a forma de melhorar a acurácia das avaliações genéticas existentes (Spiedel et al., 2010). De acordo com estes autores, embora a maior parte desta discussão seja focada na incorporação de informação

de marcadores de DNA para os atuais esquemas de avaliação genética (Schaeffer, 2006; Goddard & Hayes, 2007; Kachman, 2008), aumentar o número de registros utilizáveis também adicionaria acurácia às diferenças esperadas na progênie (DEP's). O uso de técnicas de regressão aleatória pode permitir a incorporação de observações tomadas em qualquer época da vida do animal, o que pelo aumento das acurácias das DEP's, poderia acarretar em acréscimo na taxa de ganho genético (Williams et al., 2009).

De acordo com Sarmiento (2007), os modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido reconhecidos como ideais para análise de características longitudinais (e.g. curva de crescimento) no melhoramento animal e têm sido utilizados para modelar várias características em algumas espécies de animais domésticos. Em bovinos de corte, diversos trabalhos podem ser citados como Meyer (2000), Sakaguti (2000), Albuquerque & Meyer (2001), Nobre et al., (2003), Meyer (2005a), Iwaisaki et al. (2005), Robbins et al. (2005), Santoro et al. (2005), Dias et al. (2006), Albuquerque & El Faro (2008), Sánchez et al. (2008), Pelicioni et al. (2009), Boligon et al. (2010), Sousa Júnior et al. (2010).

Até o momento, aplicações práticas dos MRA têm normalmente ajustado as covariáveis (e.g. idade, dias em lactação) com polinômios ortogonais de Legendre da variável. Polinômios de ordens mais altas são flexíveis e têm se mostrado capazes de modelar bem mudanças nas médias e variâncias ao longo da escala contínua. Entretanto, polinômios normalmente colocam grande ênfase sobre as observações nos extremos, e são conhecidos por serem potencialmente problemáticos para altas ordens de ajuste. “Fenômeno de Runge” descreve o aumento

do erro de aproximação polinomial devido ao aumento da ordem de ajuste, com erros predominantemente devido a oscilações nos extremos da curva. Tal comportamento pode gerar problemas, como estimativas de componentes de variância implausíveis nos extremos da faixa da variável controle. Isso, particularmente, tem ocorrido geralmente em conjunto de dados com substancial diferença no número de observações nos dois extremos da variável controle, e ajuste de polinômios de alta ordem (Meyer, 2005b). Neste contexto, como alternativa aos polinômios de alta ordem, os polinômios segmentados do tipo B (funções B-splines) têm sido utilizados, podendo ser encontrados em trabalhos com bovinos de leite, e.g. Torres Júnior (2001), Silvestre et al. (2006), De Groot et al. (2007), Bohmanova et al. (2008), Bignardi et al. (2008), Bignardi (2010); em bovinos de corte, e.g. Bohmanova et al. (2005), Meyer (2005a), Iwaisaki et al. (2005), Robbins et al. (2005), Sánchez et al. (2008); e em suínos, e.g. Huisman et al. (2002).

Os polinômios segmentados do tipo B apresentam vantagens interessantes em relação aos polinômios ortogonais de Legendre, tal como propriedades numéricas superiores por promover maior esparsialidade e quebra de multicolinearidade. Além disso, o fato de priorizarem o ajuste local em relação ao global os tornam mais robustos em relação a reduzido número de dados para certas faixas do conjunto de dados, ou seja, segundo Bignardi (2010), estes polinômios proporcionam um melhor controle da influência global das observações individuais.

Contudo, no Brasil não há trabalhos publicados, para bovinos de corte, que avaliam a aplicação de MRA utilizando polinômios

segmentados do tipo B em avaliações genéticas para dados longitudinais de ponderal, fato este que evidencia a necessidade de pesquisas nesta direção.

Assim, a realização deste trabalho teve os seguintes objetivos:

- estimar componentes de (co) variância e parâmetros genéticos e, prever valores genéticos para pesos ao longo da curva de crescimento, usando MRA ajustado por polinômios segmentados lineares do tipo B;

- comparar as estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos obtidas por MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B, com dois diferentes arquivos de dados (reduzido e completo - diferente aproveitamento dos dados disponíveis), e por modelo multicaracterístico;

- avaliar a classificação dos animais segundo os valores genéticos para peso aos 120, 240, 360 e 480 dias de idade e, total maternal aos 240 dias, preditos por MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B, com dois diferentes arquivos de dados (reduzido e completo - diferente aproveitamento dos dados disponíveis), e por modelo multicaracterístico.

## Revisão Bibliográfica

### 1.0. A raça Tabapuã e a produção de carne bovina no Brasil

A raça zebuína Tabapuã teve sua origem na Fazenda Água Milagrosa, município de Tabapuã, estado de São Paulo, Brasil, na década de 1940, fruto do cruzamento de animais das raças Nelore e Guzerá. O primeiro animal Tabapuã registrado foi o touro Baile de Tabapuã T-1210, com o RGD nº 1, em 01 de fevereiro de 1971. Em 1981, o Tabapuã foi oficialmente reconhecido como raça. Em 2009, cerca de 15.800 animais receberam registro genealógico de nascimento (RGN) e 7.500 receberam registro genealógico definitivo (RGD), representando 3,71% e 3,56%, respectivamente, do total de animais de raças zebuínas registrados nesse ano (ABCZ, 2010).

Juntamente com as demais raças zebuínas, a raça Tabapuã é uma das responsáveis pelo grande progresso alcançado pela bovinocultura de corte brasileira, em especial nos últimos anos. A grande contribuição das raças zebuínas é permitir a produção competitiva de carne em condições tropicais sob, basicamente, regime de pasto. O progresso alcançado pode ser comprovado pela liderança mundial em exportação de carne bovina ocupada pelo Brasil desde 2003, cujo volume exportado em 2009 atingiu 1,9 milhão de toneladas de equivalente-carcaça (ABIEC, 2010). Além disso, o Brasil é o segundo maior produtor de carne bovina do mundo, com uma produção de 9,2 milhões de toneladas de equivalente-carcaça em 2009 (CNPIC, 2010).

## **2.0. Modelos para análise de dados longitudinais**

Segundo Sarmiento (2007), características que são mensuradas várias vezes durante a vida do animal, são consideradas como longitudinais, ou seja, características de dimensão infinita. Kirkpatrick & Heckman (1989) definem estas características como aquelas que o fenótipo do indivíduo pode ser descrito por uma função, em vez de um número finito de mensurações. Como exemplo de característica longitudinal, os mesmos autores citam a trajetória de crescimento de um animal, a qual pode ser considerada como uma função que relaciona a idade do indivíduo com algumas mensurações de seu tamanho. Desta forma, o tamanho do indivíduo para cada idade diferente, pode ser considerado como característica diferente, havendo, então, um número infinito de idades. Biologicamente, isto poderia ser explicado por diferentes genes que se expressam em diferentes idades do animal, causando alterações fisiológicas e no desempenho do indivíduo (Schaeffer, 2009).

Segundo Spiedel et al. (2010), um grande número de características atualmente coletadas para avaliação genética de bovinos de corte caem na alçada da definição de dados longitudinais. Estas características podem ir daquelas comumente coletadas, tais como peso, altura e escore de condição corporal, à medidas menos comuns como consumo de alimento, sobrevivência e, produção e qualidade espermática (Schaeffer, 2004).

Diferentes métodos têm sido implementados por grupos que conduzem avaliações genéticas de bovinos de corte a fim de modelar

apropriadamente este tipo de dado. Estes métodos incluem modelos mais tradicionais, como modelos de repetibilidade e multicaracterístico, até modelos mais contemporâneos, tais como o conjunto de modelos de regressão aleatória (MRA) que usam diferentes funções base (Spiedel et al., 2010).

O modelo mais simples de análise de dados longitudinais é o modelo de repetibilidade, o qual assume que todas as medidas mensuradas ao longo do tempo representam a mesma característica. Entretanto, esse modelo pressupõe que as variâncias genéticas e de ambiente permanente, não variam ao longo do tempo, ou seja, que as correlações genéticas e de ambiente permanente entre as medidas repetidas sejam iguais a unidade. Isso pode representar um erro, pois, de acordo com Silva et al. (2008), é possível que um animal A seja geneticamente superior a um animal B em determinada idade, mas não em outra, no que diz respeito à característica avaliada. Isso ocorre porque a mesma característica pode ser determinada por diferentes genes em diferentes idades. Da mesma forma, segundo esses autores, considerar o mesmo efeito de ambiente permanente para todas as idades não parece adequado, uma vez que este efeito aleatório em particular provavelmente se acumula com o tempo.

Características longitudinais podem ser analisadas, também, por meio de modelos multicaracterísticos. Nesses modelos, assume-se que cada peso ajustado para idades padrão é uma característica diferente. Avaliações genéticas multicaracterísticas predizem valores genéticos para diferentes idades através da incorporação das covariâncias genéticas e

residuais entre as idades (Spiedel et al., 2010). Outro ponto importante neste tipo de análise, é que o número de parâmetros a ser estimado cresce acentuadamente com aumento do número de características. Com isso, a tentativa de incorporar as informações de várias idades compreendidas no período de crescimento, torna o modelo excessivamente parametrizado, podendo inviabilizar a análise em face de limitações computacionais e dificuldades de interpretação. Modelos animal bicaracterísticos têm sido utilizados nas avaliações genéticas de bovinos de corte no Brasil (ABCZ, 2009b, ANCP, 2009).

De acordo com Meyer (2005b), alternativamente aos modelos animal de repetibilidade e multicaracterístico, MRA (Henderson Jr., 1982; Laird & Ware, 1982) têm se tornado padrão em análises de dados advindos dos sistemas de produção animal, especialmente na última década. MRA oferecem uma estrutura atraente e conceitualmente simples, embora poderosa e com propriedades desejáveis para as análises de dados longitudinais de programas de melhoramento animal. Cada registro contribui com informação sem a necessidade de ajustes arbitrários em idades consideradas padrão (Sakaguti, 2000), e desta forma, todo registro é utilizado (Meyer, 2005b). Além do mais, covariâncias para pontos (idades) individuais são modeladas mais apropriadamente. No contexto de avaliação genética, isto implica que os dados são usados mais eficientemente, e que as predições de valores genéticos possuem acurácias mais altas. Em termos de estimação de componentes de variância, MRA facilitam parcimoniosa descrição de variáveis e potencialmente complexas estruturas de covariância.

Além do já exposto, pode-se citar ainda como aspectos positivos dos MRA: a) não exigem número mínimo de medidas por animal; b) considera o relacionamento existente entre os animais; c) as análises abrangem todo o intervalo contínuo em que as medidas foram tomadas, permitindo estimar (predizer) o valor genético das características (em questão) em qualquer ponto desse intervalo (vantagem comum aos modelos de regressão tradicionais); d) permitem obter estimativas de (co) variâncias para as características (idades) na qual não há observações (por meio de interpolação). Como aspecto negativo é citado o maior requerimento computacional em decorrência do maior número de efeitos aleatórios por animal nas equações de modelos mistos e aumento no número de observações na análise. Entretanto, com o grande avanço tecnológico na área da informática, exigência computacional tem perdido importância ao se avaliar a implantação de uma metodologia de avaliação genética.

Vários MRA podem ser utilizados para descrever dados longitudinais, os quais diferem entre si por meio das funções empregadas para ajustar as regressões fixa e aleatórias ao longo do tempo. Em estudos com dados longitudinais de crescimento, polinômios ortogonais de Legendre de diversas ordens têm sido os mais usados. Em bovinos de corte podemos citar, como exemplo, os trabalhos de Meyer (1998), Sakaguti (2000), Albuquerque & Meyer (2001), Nobre et al. (2003), Dias et al. (2006), Albuquerque & El Faro (2008), Nobre et al. (2009), Sousa Júnior et al. (2010) e Boligon et al. (2010).

No entanto, segundo Spiedel et al. (2010), recentemente, algumas questões vieram à tona sobre MRA que empregam polinômios ortogonais

de Legendre como suas funções base. As matrizes de (co) variâncias estimadas usadas para calcular variâncias genéticas ao longo da faixa de dados, e.g. ao longo da vida do animal, tendem a resultar em variâncias genéticas que são bem mais altas no início e final da faixa de dados do que no meio (Schaeffer & Jamrozik, 2008). Outros problemas relatados com polinômios ortogonais de Legendre sendo usados em regressões aleatórias são a pobre capacidade de modelar funções assimétricas, falta de informação para estimar um grande número de parâmetros, e a sensibilidade a cada um dos muitos diferentes parâmetros de (co) variância (Misztal, 2006).

Nobre et al. (2003), Bohmanova et al. (2005) e Nobre et al. (2009) avaliaram a aplicação de MRA com polinômios ortogonais de Legendre em avaliações genéticas de bovinos de corte e relataram que somente com a diagonalização das matrizes de (co) variâncias genética direta e materna foi possível atingir adequado desempenho e taxa de convergência. Além disso, Nobre et al. (2003) reportaram que os parâmetros estimados por MRA com polinômios ortogonais de Legendre continham artefatos e não eram acurados, o que comprometeria sua aplicação em avaliações genéticas.

Como alternativa aos polinômios ortogonais de Legendre, polinômios segmentados (funções splines), em especial polinômios segmentados do tipo B, têm sido avaliados como função base em MRA para aplicação em avaliações genéticas de bovinos de corte, e.g. Meyer (2005a), Robbins et al. (2005), Iwaisaki et al. (2005), Bohmanova et al. (2005) e Sánchez et al. (2008). Segundo Misztal (2006), como cada coeficiente de um polinômio

segmentado afeta somente uma fração da trajetória, espera-se modelos com melhores propriedades numéricas e menos artefatos na estimação dos parâmetros, o que pode, também, contribuir para que as mudanças nos extremos da trajetória sejam mais moderadas. Além disso, de acordo com esse autor, os nós em polinômios segmentados podem ser escolhidos a fim de corresponder ao padrão de mudanças ao longo da trajetória resultando em menor dimensionalidade; os nós podem ser mais densos em regiões de rápida mudança, e mais esparsos em regiões de mudanças lentas.

Maior detalhamento sobre polinômios segmentados é dado no tópico seguinte.

### **3.0. Polinômios segmentados (funções splines)**

#### **3.1. Definições gerais**

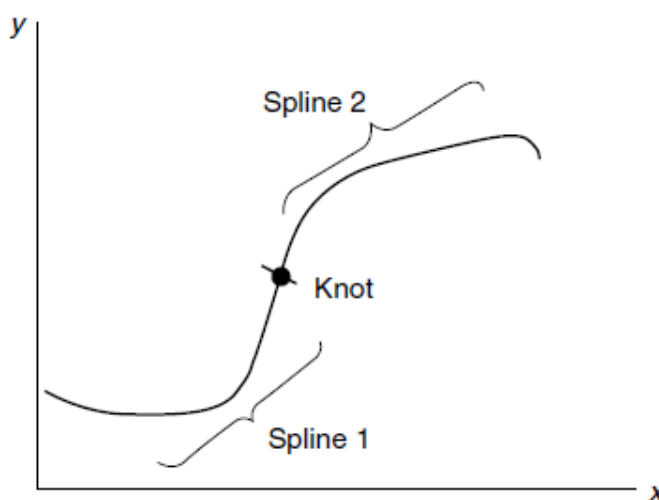
A definição do dicionário de uma spline, segundo Wegman & Wright (1983), é “uma fina tira de madeira usada na construção civil.” Isso de fato nos dá uma introspecção da definição matemática de spline. Historicamente, desenhistas de engenharia (projetistas) usavam longas e finas tiras de madeira chamadas splines para desenhar uma curva suave entre pontos específicos. As splines eram fixadas no local colocando pesos de chumbo chamados “ducks” em pontos ao longo da spline. Pela alteração da posição dos “ducks” e a posição da spline e “ducks” relativa à superfície de elaboração, a spline poderia ser forçada a passar por pontos específicos desde que um número suficiente de “ducks” fosse usado.

Considerando a spline do desenhista como uma fina e elástica viga, uma simples demonstração física mostra que a spline é uma viga escorada que minimiza a energia de deflexão sujeita à restrição de interpolar os pontos específicos. No cenário mais geral, então, uma spline matemática é a solução para um problema de otimização restrito. Em um cenário mais elementar, a spline é substituída por um polinômio segmentado cúbico (normalmente um diferente polinômio entre cada par de “ducks”) com certa descontinuidade onde os polinômios se unem. O polinômio segmentado é escolhido para minimizar a curvatura média quadrada (correspondente à energia de deflexão). Os pontos de união na teoria matemática de spline são chamados nós (Wegman & Wright, 1983). Neste contexto, justifica-se o termo polinômios segmentados ser sinônimo de splines ou funções splines na literatura científica. Neste trabalho, o termo polinômios segmentados será utilizado em respeito à língua portuguesa.

A terminologia “função spline” foi introduzida, segundo Schumaker (2007), por Schoenberg, em 1946, em conexão com o espaço  $S_m(\Delta)$ , espaço dos polinômios segmentados de ordem  $m$  com nós simples nos pontos  $x_1, \dots, x_k$ , o qual ele usou para resolver problemas de ajuste de dados. Schoenberg afirmou que a motivação para usar essa terminologia foi a conexão de polinômios segmentados com um instrumento mecânico chamado spline, conforme explicação apresentada anteriormente no texto.

De acordo com Rice (1969), citado por Schenkel (1989), polinômios segmentados podem ser definidos como segmentos de polinômios de

grau  $n$  que estão conectados de forma a ter derivadas contínuas de grau  $n-1$ . Os pontos onde os segmentos se conectam são chamados de nós (knots). Os valores do polinômio e as primeiras  $n-1$  derivadas devem coincidir no(s) nó(s), portanto o polinômio segmentado é uma função contínua com  $n-1$  derivadas contínuas (Paulson, 2007). Como ilustração de um polinômio segmentado com um nó tem-se a Figura 1.



*Fonte: Paulson (2007)*

Figura 1 – Polinômios segmentados (Splines 1 e 2) com um nó (knot).

O uso de polinômios segmentados é interessante quando um modelo polinomial de pequeno grau não ajusta precisamente os dados, e o pesquisador não quer usar uma função polinomial complexa para modelar os dados. Em tais casos, os polinômios segmentados apresentam-se como excelente opção (Paulson, 2007),

Para Schenkel (1989), o maior obstáculo para o uso de polinômios segmentados é que os nós devem ser conhecidos. O conhecimento prévio na área técnica específica, o uso de diagramas e médias para a estimação grosseira de nós ou o uso de um modelo não-linear para a

estimação simultânea dos nós e dos coeficientes de regressão podem ser empregados nesta tarefa.

Na prática, o que se tem utilizado nos trabalhos zootécnicos é a fixação dos nós das curvas através da inspeção visual dos pontos num gráfico de dispersão. Para assegurar uma escolha mais correta (que minimize a soma de quadrados dos resíduos) pode-se escolher pontos próximos ao local onde poderia estar situado o nó e então proceder a estimação dos parâmetros do modelo. O ponto adotado seria aquele que minimizasse a soma de quadrados do resíduo. Este método, aparentemente trabalhoso, é exequível e bastante prático em decorrência da facilidade de computação dos polinômios (Schenkel, 1989).

O modelo geral de um polinômio segmentado é:

$$y = \sum_{j=0}^n \beta_{0j} x^j + \sum_{i=1}^c \sum_{j=0}^n \beta_i (x - t_i)_+^j \quad (1)$$

onde

$$(x - t_i)_+ = \begin{cases} x - t_i, & \text{se } x - t_i > 0 \\ 0, & \text{se } x - t_i \leq 0 \end{cases} ,$$

onde n é o grau da polinômio, e c é o número de nós.

A equação (1), como já dito, é a forma mais geral, e segundo Wegman & Wright (1983), permite descontinuidade nos nós ( $t_i$ ). Dessa forma, a fim de tornar a função contínua bem como suas derivadas em  $t_i$ , algumas condições de continuidade são tomadas, gerando a seguinte equação (modelo do polinômio segmentado):

$$y = \sum_{j=0}^n \beta_{0j} x^j + \sum_{i=1}^c \beta_i (x - t_i)_+^n \quad (2)$$

Segundo Paulson (2007), para diversas situações práticas, recomenda-se usar um polinômio segmentado cúbico:

$$y = \sum_{j=0}^3 \beta_{0j} x^j + \sum_{i=1}^c \beta_i (x - t_i)_+^3 \quad (3)$$

onde  $c$  é o número de nós,  $t_1 < t_2 < \dots < t_c$ ;  $t_i$  é o valor do nó em  $x_i$ , e novamente tem-se:

$$(x - t_i)_+ = \begin{cases} x - t_i, & \text{se } x - t_i > 0 \\ 0, & \text{se } x - t_i \leq 0 \end{cases}$$

Portanto, se temos dois nós, por exemplo,  $t_1=5$  e  $t_2=9$ , então, pela equação 3:

$$y = \beta_{00} + \beta_{01}x + \beta_{02}x^2 + \beta_{03}x^3 + \beta_1(x-5)_+^3 + \beta_2(x-9)_+^3 + \varepsilon$$

onde

$$(x - 5)_+ = \begin{cases} x - 5, & \text{se } x - 5 > 0 \\ 0, & \text{se } x - 5 \leq 0 \end{cases}$$

e

$$(x - 9)_+ = \begin{cases} x - 9, & \text{se } x - 9 > 0 \\ 0, & \text{se } x - 9 \leq 0 \end{cases}$$

Assim, tem-se que quando  $x \leq 5$  (spline 1), a equação de predição é

$$\hat{y} = \hat{\beta}_{00} + \hat{\beta}_{01}x + \hat{\beta}_{02}x^2 + \hat{\beta}_{03}x^3.$$

Quando  $x > 5$  e  $x \leq 9$  (spline 2), a equação é

$$\hat{y} = \hat{\beta}_{00} + \hat{\beta}_{01}x + \hat{\beta}_{02}x^2 + \hat{\beta}_{03}x^3 + \hat{\beta}_1(x-5)^3.$$

Quando  $x > 9$  (spline 3), a equação é

$$\hat{y} = \hat{\beta}_{00} + \hat{\beta}_{01}x + \hat{\beta}_{02}x^2 + \hat{\beta}_{03}x^3 + \hat{\beta}_1(x-5)^3 + \hat{\beta}_2(x-9)^3.$$

A seguir, vantagens dos polinômios segmentados apresentadas por Schenkel (1989):

a) Pela inclusão de zeros nas colunas das variáveis explanatórias, há uma quebra da multicolinearidade, aumentando a confiabilidade dos valores estimados ( $\hat{y}$ ) uma vez que minimiza o fator de inflação da variância (FIV) e o viés dos estimadores.

b) O comportamento da função que descreve a relação das variáveis em uma região torna-se bastante independente do comportamento em outras regiões com características distintas, o que torna a capacidade de aderência da função spline aos pontos superiores a dos polinômios ordinários.

c) A medida de qualidade do ajustamento, dada normalmente pela soma de quadrados total devido à regressão, será bastante uniforme para a curva inteira do polinômio segmentado, independentemente da uniformidade da distribuição das observações.

d) Funções não lineares e polinômios ordinários de graus diferentes podem ser aproximados por polinômios segmentados que são lineares nos parâmetros, de fácil estimação e com propriedades ótimas (BLUE).

e) Aumentam o domínio da aproximação, isto é, fornecem estimativas num campo mais amplo de possíveis valores.

A teoria de polinômios segmentados e suas aplicações é relativamente recente. Até o final da década de 1960, havia pouquíssimos artigos científicos que mencionavam polinômios segmentados.

Atualmente, há bem mais que 1000 artigos de pesquisa sobre o tema, e permanece como uma área de pesquisa bastante ativa (Schumaker, 2007).

O rápido desenvolvimento dos polinômios segmentados é devido, principalmente, a sua grande utilidade em situações aplicadas. Classes de funções splines possuem várias excelentes propriedades estruturais assim como excelentes poderes de aproximação. Como elas são fáceis de armazenar, avaliar e manipular em um computador, uma miríade de aplicações na solução numérica de uma variedade de problemas em matemática aplicada tem sido desenvolvida (Schumaker, 2007).

Além do seu uso em MRA, os polinômios segmentados têm sido aplicados, dentro do melhoramento genético animal, na modelagem de fatores não-genéticos quantitativos em avaliações genéticas de bovinos, e.g. Pelicioni et al. (2002), Jorge Júnior et al. (2004), e Toral (2007); no ajuste de curvas de lactação, e.g. Muñoz-Berrocal et al. (2005) e em estudos de tendência genética, e.g. Malhado et al. (2007).

Existem diversos tipos de polinômios segmentados, no entanto, polinômios segmentados do tipo B têm sido preferidos em estudos relacionados à avaliação genética animal, sendo encontrados interessantes e promissores estudos com bovinos de corte.

### **3.2. Polinômios segmentados do tipo B (funções B-splines)**

Segundo Meyer (2005a), polinômios segmentados do tipo B englobam um conjunto de funções sobrepostas, suaves e não negativas, as quais são unimodal e somam a unidade para todos os valores de  $t$ ,

podendo-se ter polinômios segmentados de diferentes graus. No entanto, a grande maioria dos trabalhos em melhoramento animal tem aplicado polinômios segmentados lineares do tipo B, ou seja, de grau 1.

Polinômios segmentados do tipo B podem ser definidos recursivamente. Polinômios base de grau  $p = 0$  têm valores iguais à unidade para todos os pontos em um dado intervalo, e zero, caso contrário.

Para o  $k$  ésimio intervalo dado pelos nós  $T_k$  e  $T_{k+1}$  com  $T_k \leq T_{k+1}$ ,

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

Polinômios base de graus mais altos,  $B_{k,p}$  para  $p > 0$ , são então determinados a partir dos valores de polinômios base de grau menor, já calculados, e da largura dos intervalos adjacentes entre nós. A relação geral, de acordo com De Boor (2001), é:

$$B_{k,p}(t) = \frac{t - T_k}{T_{k+p} - T_k} B_{k,p-1}(t) + \frac{T_{k+p+1} - t}{T_{k+p+1} - T_{k+1}} B_{k+1,p-1}(t) \quad (4).$$

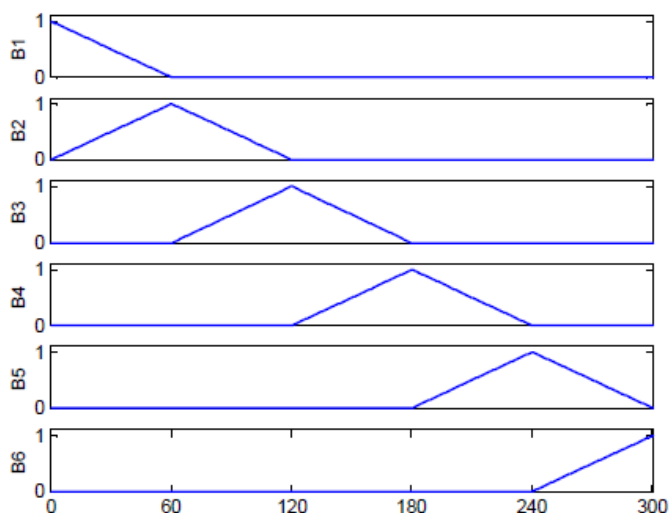
Para cada  $p$ , há um número limitado de polinômios base não-zero de grau menor, que podem ser explorados ao se calcular a equação 4.

Para uma dada faixa de  $t$ ,  $T_0$  a  $T_m$ , divisões em  $m$  intervalos requer a especificação de  $m-1$  nós internos. Junto com os dois nós externos ( $T_0$  e  $T_m$ ), isto gera  $m+1$  pontos de nó e  $m+p$  polinômios não-zero  $B_{k,p}$  a serem consideradas. O cálculo da equação 4, entretanto, requer  $p$  adicionais nós a serem especificados em cada lado do intervalo, assim, tem-se  $2p+m+1$  nós no total. Para polinômios segmentados do tipo B “uniformes” com nós colocados em intervalos iguais  $\Delta$ , Eilers & Marx (2004) sugerem colocar os nós adicionais em intervalos iguais fora da faixa de  $t$ , i.e., em  $T_0 - p\Delta, \dots$ ,

$T_{0-\Delta}$  e  $T_{m+\Delta}, \dots, T_{m+p\Delta}$ . Isso resultaria em todos as  $B_{k,p}$  para um dado  $p$  terem a mesma forma, i.e., simplesmente serem cópias horizontalmente deslocadas uma da outra. Alternativamente, se poderia definir os dois nós externos tendo multiplicidade  $p+1$ , i.e., colocar os  $p$  nós adicionais de ambos os lados do valor correspondente ao nó externo. Isto é prática comum na implementação de polinômios segmentados do tipo B em pacotes estatísticos, e.g. R (Meyer, 2005a). Para  $p \geq 2$ , isto proporcionaria  $B_{k,p}$  de diferentes formas para aqueles envolvendo somente nós internos e aqueles envolvendo nós externos e adicionais, mesmo se todos os nós internos são espaçados em intervalos iguais.

Na figura 2 tem-se a ilustração de polinômios segmentados lineares do tipo B retirada do trabalho de Torres Júnior (2001), em que se pode observar que cada polinômio é diferente de zero apenas para dois intervalos subjacentes, fato que proporciona melhor qualidade de ajuste local, uma vez que o ajuste em determinado ponto é influenciado apenas por dados próximos a este e não por todo o conjunto de dados como ocorre em polinômios ortogonais de Legendre e polinômios ordinários. Esta propriedade dos polinômios segmentados do tipo B contribui para que estes sejam menos susceptíveis a gerar, quando usados em MRA, estimativas de componentes de (co) variância implausíveis nos extremos da faixa da variável controle e artefatos (Bohmanova et al., 2005). Outro aspecto interessante que a Figura 2 auxilia a enxergar é que os parâmetros estimados para um ponto entre dois nós resultam de uma ponderação do peso destes dois nós, evidenciada pela sobreposição de

dois polinômios segmentados para cada intervalo entre dois nós, sendo que, o peso de cada nó é função de sua proximidade do ponto avaliado.



Fonte: Torres Júnior (2001)

Figura 2 – Gráfico de seis polinômios segmentados lineares do tipo B com nós em 0,5; 60,5; 120,5; 180,5; 240,5 e 300,5, retirado de Torres Júnior (2001), que aplicou polinômios segmentados do tipo B na análise genética sob MRA em bovinos de leite.

De acordo com Misztal (2006), polinômios segmentados lineares do tipo B apresentam interessantes propriedades computacionais. A convergência ao resolver as equações de modelo misto foram superiores do que modelos com polinômios ortogonais de Legendre, e o custo por iteração foi menor (Bohmanova et al., 2005; Robbins et al., 2005). Misztal (2006) afirma que essa superioridade é devido a dois principais fatores. Primeiro, modelos com polinômios segmentados lineares do tipo B geralmente têm melhores propriedades numéricas porque cada coeficiente afeta somente uma fração da trajetória. Segundo, enquanto que em polinômios de ordem  $n$  todas as covariáveis são geralmente não nulas, em polinômios segmentados lineares do tipo B somente covariáveis associadas com dois nós adjacentes são não nulas. Isto aumenta as

esparsialidade do lado esquerdo das equações de modelos mistos (LHS). Por exemplo, assuma um modelo envolvendo  $m$  conjuntos de covariáveis de tamanho  $n$ , mais  $q$  efeitos adicionais. O número de contribuições para LHS de cada observação será  $(mn+q)^2$  quando polinômios são usados e não mais que  $(2m+q)^2$  quando polinômios segmentados lineares do tipo B são usados. Assumindo  $m=3$ ,  $n=4$  e  $q=5$ , o número de contribuições para LHS é 289 e 121, respectivamente.

Outro aspecto interessante dos polinômios segmentados lineares do tipo B, segundo Bohmanova et al. (2005), é que os parâmetros são muito fáceis de serem derivados dos parâmetros de modelos multicaracterísticos, especialmente quando os nós são colocados nas idades padrão, e.g. 120, 240 e 360 dias de idade. Isto pode ser ilustrado listando apenas a parte aditiva direta de um MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B (adaptado de Bohmanova et al., 2005):

$$y_{ijkt} = \dots + d_{j1}\varphi_1(a_t) + d_{j2}\varphi_2(a_t) + d_{j3}\varphi_3(a_t) + \dots$$

Os coeficientes dos polinômios segmentados lineares do tipo B e o modelo para pesos correspondentes aos pesos padrão usados em modelos multicaracterísticos são:

peso aos 120 dias:

$$\varphi_1(120)=1; \varphi_2(120)=0; \varphi_3(120)=0$$

$$y_{ijkt} = \dots + d_{j1} + \dots$$

peso aos 240 dias:

$$\varphi_1(240)=0; \varphi_2(240)=1; \varphi_3(240)=0$$

$$y_{ijkt} = \dots + d_{j2} + \dots$$

peso aos 360 dias:

$$\varphi_1(360)=0; \varphi_2(360)=0; \varphi_3(360)=1$$

$$y_{ijkt} = \dots + d_{j3} + \dots$$

Portanto, os efeitos diretos aditivos para os coeficientes de regressão estimados em MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B são equivalentes ao valor estimado da função para pesos nas idades dos nós (idades padrão), e conseqüentemente, tanto os valores genéticos quanto os componentes de (co) variância são comparáveis com os de um modelo multicaracterístico. Generalizando, quando os nós em MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B correspondem às idades padrão das características analisadas no modelo multicaracterístico, as variâncias nos efeitos correspondentes, com exceção do efeito residual, são as mesmas.

### **3.3. Polinômios segmentados do tipo B em modelos de regressão aleatória aplicados em dados longitudinais de ponderal de bovinos de corte**

Bohmanova et al. (2005) realizaram um estudo de simulação para examinar a avaliação genética da curva de crescimento de bovinos de corte quando esta é feita usando modelo multicaracterístico ou MRA com polinômios ortogonais de Legendre ou polinômios segmentados lineares do tipo B. Foram gerados quatro conjunto de dados com observações às idades 1, 205 e 365 dias; 1, 160 a 250, e 320 a 410 dias; 1, 100, 205, 300 e 365 dias; e 1, 55 a 145, 160 a 250, 275 a 325, e 320 a 410 dias. Soluções pelos modelos multicaracterístico e de regressão aleatória foram iguais quando se utilizou pesos em idades padrão, entretanto,

quando se trabalhou com pesagens fora das idades padrão, o modelo multicaracterístico perdeu em acurácia, enquanto os MRA retiveram. Os autores afirmaram que MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B são uma alternativa mais simples do que polinômios ortogonais de Legendre, pois, além dos parâmetros serem quase os mesmos do modelo multicaracterístico, a taxa de convergência foi satisfatória sem diagonalização.

Meyer (2005a) avaliou a curva de crescimento de bovinos da raça Angus utilizando polinômios segmentados do tipo B em MRA como uma alternativa aos polinômios ortogonais de Legendre. O banco de dados usado continha 84.533 registros de 20.731 animais pertencentes a 43 rebanhos, com alta proporção dos animais com quatro ou mais pesos registrados. Pesos do nascimento aos 820 dias foram utilizados no estudo. Um total de treze análises, considerando diferentes combinações de polinômios segmentados do tipo B lineares, quadráticos e cúbicos e até seis nós, foram realizadas. No geral, análises usando polinômios segmentados do tipo B mostraram-se mais robustas contra os problemas de ajuste nos extremos dos dados, comuns em análises com polinômios ortogonais de Legendre. Segundo a autora, um MRA com polinômios segmentados quadráticos do tipo B, com nós nos dias 0, 200, 400, 600 e 821 e um total de 91 componentes de (co)variância parece ser a melhor opção, pois oferece equilíbrio entre detalhamento do modelo, número de parâmetros a serem estimados, plausibilidade dos resultados e qualidade de ajuste, medido como o quadrado médio do resíduo.

Iwaisaki et al. (2005) estimaram parâmetros para pesos ao nascimento, desmama e ano em bovinos de corte da raça Gelbvieh usando modelo multicaracterístico e MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B. Dados de 18.900 bezerros foram usados, dos quais 100, 75 e 17% tinham pesos ao nascer, desmama e ano, respectivamente. Estimativas de ambos os modelos estavam na mesma escala. Houve uma boa concordância entre os componentes de variância estimados para peso ao nascer para ambos os modelos. Para os demais pesos, estimativas para o MRA com polinômio segmentado do tipo B foram menores. Estimação dos parâmetros com MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B foi tão simples quanto com o modelo multicaracterístico; entretanto, as estimativas foram mais realísticas devido à melhor modelagem da idade para os efeitos fixos e aleatórios.

Robbins et al. (2005) compararam avaliações genéticas de dados de crescimento em um grande população de bovinos de corte da raça Gelbvieh usando MRA sob polinômios segmentados lineares do tipo B ou polinômios ortogonais de Legendre e modelo multicaracterístico a fim de determinar a praticidade de implementação de avaliações longitudinais para conjunto de dados nacionais. O banco de dados continha 1.120.086 registros de 541.108 animais. Na análise com o modelo multicaracterístico, três características foram avaliadas: peso ao nascer, peso à desmama e peso ao ano. Duas avaliações usando MRA foram realizadas usando polinômios ortogonais de Legendre cúbico e polinômios segmentados lineares do tipo B com três nós ao 1, 205 e 365 dias de idade. MRA com polinômios ortogonais de Legendre apresentou

problema de convergência, sendo esta atingida somente após diagonalização ter sido imposta. Os autores concluíram que modelos longitudinais podem ser eficientemente implementados em avaliações genéticas de bovinos de corte, sendo que devido à simplicidade e facilidade de implementação do MRA usando polinômios segmentados lineares do tipo B, este se apresenta como uma alternativa atraente para o modelo multicaracterístico atual.

Sánchez et al. (2008) realizaram estudo a fim de examinar a praticabilidade de se usar MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B no ajuste de características de crescimento em uma população multirracial de bovinos de corte. Para atingir o objetivo, os resultados foram comparados com aqueles obtidos com um modelo animal multicaracterístico tradicional, quando ambos os modelos foram aplicados a um banco de dados com 1.800.000 de registros de 1.100.000 de animais pertencentes à Associação Americana de Gelbvieh. Os autores concluíram que, o MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B por evitar o descarte de registros que estão fora das usuais faixas de mensurações, permite que maiores acurácias sejam alcançadas e, portanto maior progresso genético poderia ser esperado.

#### **4.0. Parâmetros genéticos para dados longitudinais de ponderal de bovinos da raça Tabapuã**

##### **4.1. Modelos uni ou bicaracterísticos**

Sakaguti (2000) estimou parâmetros genéticos de dados longitudinais de ponderal usando um modelo animal bicaracterístico com

efeitos aleatórios aditivo direto e residual. O banco de dados utilizado, proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã incluídos no Controle de Desenvolvimento Ponderal (CDP) da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), continha 40.303, 38.845, 35.126, 28.239, 25.535 e 17.944 registros para peso aos 120 dias (P120), aos 205 dias (P205), aos 240 dias (P240), aos 365 dias (P365), aos 420 dias (P420) e aos 550 dias (P550), respectivamente, e 41.415 animais na matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco (matriz A). Foram utilizadas informações apenas de animais criados exclusivamente a pasto e nascidos de 1975 a 1997. As herdabilidades estimadas foram iguais a 0,44, 0,47, 0,44, 0,36, 0,37 e 0,36, respectivamente, para P120, P205, P240, P365, P420 e P550. Correlações genéticas aditivas diretas iguais a 0,96, 0,89, 0,85, 0,81, 0,92, 0,91, 0,87, 0,97, 0,88 foram estimadas, respectivamente, entre P120 e P240, P120 e P365, P120 e P420, P120 e P550, P240 e P365, P240 e P420, P240 e P550, P365 e P420 e, P365 e P550.

Ferraz Filho et al. (2002) estimaram parâmetros genéticos de dados longitudinais de ponderal usando um modelo animal unicaracterístico, com efeitos aleatórios aditivo direto, aditivo materno, ambiente permanente materno e residual. O banco de dados utilizado, proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã incluídos no CDP da ABCZ, continha 30.746, 27.701 e 18.493 registros para P205, P365 e P550, respectivamente, e 41.420, 37.561 e 26.523 animais na matriz A, respectivamente, para as três medidas. Foram utilizadas informações apenas de animais criados exclusivamente a pasto e nascidos de 1959 a

1996. As herdabilidades direta e materna estimadas foram iguais a 0,16 e 0,10, 0,17 e 0,03 e, 0,13 e 0,03, respectivamente, para P205, P365 e P550. Correlações genéticas aditivas direto-maternas estimadas para P205, P365 e P550 foram iguais, respectivamente, a -0,42, -0,20 e -0,28.

Campêlo et al. (2004) estimaram parâmetros genéticos de dados longitudinais de ponderal usando modelo animal unicaracterístico e bicaracterístico, com efeitos aleatórios aditivo direto, aditivo materno e residual. O banco de dados utilizado, proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã incluídos no CDP da ABCZ, continha 35.478, 34.303 e 26.892 registros para P120, P240 e peso aos 420 dias de idade (P420), respectivamente, e 46.296 animais na matriz A. Foram utilizadas informações apenas de animais criados exclusivamente a pasto e nascidos de 1975 a 1998. As herdabilidades direta e materna estimadas, usando modelo unicaracterístico, foram iguais a 0,17 e 0,13, 0,15 e 0,17 e, 0,12 e 0,05, respectivamente, para P120, P240 e P420. Já as correlações entre os efeitos aleatórios aditivos direto e materno estimadas para as três medidas foram iguais, respectivamente, a -0,40, -0,48 e -0,21. Usando modelo bicaracterístico, com as combinações P120 e P240 e P120 e P420, foram estimadas herdabilidades direta e materna iguais a 0,33 e 0,06, 0,29 e 0,08 e, 0,22 e 0,01, respectivamente, para P120, P240 e P420. Correlações genéticas aditivas direto-maternas estimadas para as três medidas foram iguais, respectivamente, a -0,40, -0,40 e -0,37.

## **4.2. Modelos de regressão aleatória**

Sakaguti (2000) estimou parâmetros genéticos para pesos medidos entre as idades de 365 a 650 dias de idade usando MRA com polinômios ortogonais de Legendre de ordem dois, com efeitos aleatórios aditivo direto, ambiente permanente direto e residual (homogêneo). O banco de dados utilizado, proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã incluídos no CDP da ABCZ, continha 66.430 registros de 28.234 animais (até três registros por animal) e 38.446 animais na matriz A. Foram utilizadas informações apenas de animais criados exclusivamente a pasto e nascidos de 1975 a 1997. Herdabilidades iguais a 0,34, 0,32 e 0,32 foram estimadas para pesos aos 365 (P365), 422 (P422) e 479 dias de idade (P479), respectivamente. Correlações genéticas aditivas diretas iguais a 0,95, 0,83 e 0,96, foram estimadas, respectivamente, entre P365 e P422, P365 e P479 e, P422 e P479.

Dias et al. (2006) estimaram parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos 550 dias de idade usando MRA com polinômios ortogonais de Legendre de ordem quatro, três, cinco e dois, respectivamente, para os efeitos aleatórios aditivo direto, aditivo materno, ambiente permanente direto e ambiente permanente materno. A variância residual foi modelada por função de variância de ordem seis. O banco de dados utilizado, proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã incluídos no CDP da ABCZ, continha 21.762 registros de 4.221 animais (mínimo de cinco registros por animal) e 10.112 animais na matriz A. Foram utilizadas informações apenas de animais criados exclusivamente a pasto e nascidos de 1975 a 2000. As estimativas de herdabilidade direta

foram maiores no início e no final do período estudado, com valores de 0,28 ao nascimento, 0,21 aos 240 dias e 0,24 aos 550 dias de idade. As estimativas de herdabilidade materna foram maiores aos 160 dias de idade (0,10) que nas demais fases do crescimento. As correlações aditivas diretas entre P240 e P365, P240 e P550 e, P365 e P550 foram iguais a 0,98, 0,78 e 0,88, respectivamente. Correlações aditivas maternas entre P240 e P365, P240 e P550 e, P365 e P550 foram iguais a 0,99, 0,89 e 0,94, respectivamente.

Sousa Júnior et al. (2010) estimaram parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos 660 dias de idade usando MRA com polinômios ortogonais de Legendre de ordem quatro, três, seis e três, respectivamente, para os efeitos aleatórios aditivo direto, aditivo materno, ambiente permanente direto e ambiente permanente materno. O resíduo foi modelado considerando sete classes de variância. O banco de dados utilizado, proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã do estado da Bahia, incluídos no CDP da ABCZ, continha 35.732 registros de 8.458 animais (mínimo de três registros por animal) e 13.114 animais na matriz A. Foram utilizadas informações apenas de animais nascidos de 1975 a 2001. As estimativas de herdabilidade direta obtidas apresentaram pequena tendência de queda do nascimento (0,15) até os 20 dias (0,11) e, após esta idade, tenderam a aumento, atingindo 0,45 aos 660 dias de idade. As herdabilidades maternas apresentaram baixas magnitudes (abaixo de 0,10) crescendo do nascimento até em torno dos 200 dias de idade e a partir daí, mantendo-se constante. As correlações aditivas

diretas entre P240 e P365, P240 e P540 e, P365 e P540 foram iguais a 0,94, 0,85 e 0,95, respectivamente.

## **Material e Métodos**

### **1.0. Dados**

O banco de dados utilizado foi proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã participantes do Controle de Desenvolvimento Ponderal (CDP) - Convênio Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) / Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Foram utilizados registros de peso do 1<sup>o</sup> ao 600<sup>o</sup> dia de idade de animais criados exclusivamente a pasto e nascidos de 1976 a 2009. Animais provenientes da técnica reprodutiva de transferência de embriões (TE) e aqueles filhos de vacas cujas idades ao parto eram inferiores a 2,5 anos ou superiores a 14,5 anos foram excluídos das análises.

Três arquivos de dados foram preparados para as análises, sendo um usado nas análises com modelo multicaracterístico e os outros dois nas análises com modelo de regressão aleatória (MRA). Os três arquivos foram compostos pelos mesmos animais, diferindo-se pela edição e número de registros utilizados de cada animal. Os grupos contemporâneos, usados tanto na análise multicaracterística quanto nas de regressão aleatória, foram definidos por animais do mesmo sexo, ano, estação (1 = janeiro a março, 2 = abril a junho, 3= julho a setembro, 4 = outubro a dezembro) e fazenda de nascimento.

O arquivo de dados para a análise multicaracterística (MC) foi composto por pesos ajustados para as idades de 120 (P120), 240 (P240), 360 (P360) e 480 dias (P480), sendo que foram aproveitadas para o

cálculo de P120, P240, P360 e P480, respectivamente, pesagens realizadas entre 75 e 165, 195 e 285, 315 e 405 e, 435 e 525 dias de idade (PMGZ, 2010). Dados fora da faixa dada pela média, obtida para os pesos ajustados considerados dentro de sexo,  $\pm 3$  desvios-padrão foram eliminados. Pesos em idades mais avançadas apenas foram utilizados se o animal possuía todos os pesos anteriores àquele, e.g. todo animal com registro de P480 considerado na análise, obrigatoriamente, tinha P120, P240 e P360. Foram mantidos, no MC, somente grupos contemporâneos com no mínimo cinco, dois, dois e dois animais com registro de P120, P240, P360 e P480, respectivamente. Após as restrições, MC ficou composto por 214.837 registros de 84.215 animais, filhos de 1.530 touros e 33.821 matrizes e, netos de 1.564 avôs maternos. Nas Tabelas 1 e 2 estão apresentadas as estatísticas descritivas do MC.

Tabela 1 – Número de registros (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV) e número de grupos contemporâneos (GC) no arquivo de dados usado na análise multicaracterística (MC)

<b>Peso*</b>	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>	<b>CV</b>	<b>GC</b>
<b>P120</b>	84.215	121,2	20,4	16,8	3.571
<b>P240</b>	61.338	193,0	31,0	16,0	3.202
<b>P360</b>	40.853	222,5	38,6	17,4	2.550
<b>P480</b>	28.431	263,5	47,5	18,0	2.046

\* P120, P240, P360 e P480 igual, respectivamente, aos pesos ajustados aos 120, 240, 360 e 480 dias de idade.

Tabela 2 – Número de registros (N), média, desvio-padrão (DP) e coeficiente de variação (CV) no arquivo de dados usado na análise multicaracterística (MC), para machos e fêmeas

<b>Peso*</b>	<b>Machos</b>				<b>Fêmeas</b>			
	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>	<b>CV</b>	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>	<b>CV</b>
<b>P120</b>	42.749	125,0	20,7	16,6	41.466	117,2	19,3	16,4
<b>P240</b>	30.442	200,5	31,5	15,7	30.896	185,7	28,6	15,4
<b>P360</b>	19.091	233,7	39,1	16,7	21.762	212,7	35,4	16,6
<b>P480</b>	12.575	280,4	47,4	16,9	15.856	250,2	43,0	17,2

\* P120, P240, P360 e P480 igual, respectivamente, aos pesos ajustados aos 120, 240, 360 e 480 dias de idade.

Para as análises de regressão aleatória foram utilizados dois arquivos de dados. Um destes foi composto pelos mesmos registros de peso dos animais usados na análise multicaracterística, porém não ajustados, sendo denominado arquivo para análise de regressão aleatória reduzido (RA1). Em RA1, todos os grupos contemporâneos possuíam no mínimo cinco animais. Assim, como MC, ficou composto por 214.837 registros de 84.215 animais, filhos de 1.530 touros e 33.821 matrizes e, netos de 1.564 avôs maternos. Nas Tabelas 3 e 4 estão apresentadas as estatísticas descritivas de RA1.

Tabela 3 – Número de registros (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV) e número de grupos contemporâneos (GC) no arquivo de dados para análise de regressão aleatória reduzido (RA1)

<b>Idade*</b>	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>	<b>CV</b>	<b>GC</b>
<b>75-165</b>	84.215	120,0	27,2	22,6	
<b>195-285</b>	61.338	190,7	31,0	16,3	3.571
<b>315-405</b>	40.853	222,3	35,6	16,0	
<b>435-525</b>	28.431	262,6	44,6	17,0	

\* Intervalo de idades, em dias, para os registros de peso usados para o cálculo dos pesos padronizados aos 120, 240, 360 e 480 dias, respectivamente.

Tabela 4 – Número de registros (N), média, desvio-padrão (DP) e coeficiente de variação (CV) no arquivo de dados para análise de regressão aleatória reduzido (RA1), para machos e fêmeas

<u>idade*</u>	<b>Machos</b>				<b>Fêmeas</b>			
	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>	<b>CV</b>	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>	<b>CV</b>
<b>75-165</b>	42.749	124,0	27,9	22,5	41.466	115,9	25,7	22,2
<b>195-285</b>	30.442	198,2	31,8	16,0	30.896	183,4	28,4	15,5
<b>315-405</b>	19.091	233,6	36,1	15,4	21.762	212,4	32,1	15,1
<b>435-525</b>	12.575	279,4	45,0	16,9	15.856	249,2	39,5	15,8

\* Intervalo de idades, em dias, para os registros de peso usados para o cálculo dos pesos padronizados aos 120, 240, 360 e 480 dias, respectivamente.

Um terceiro arquivo de dados foi preparado, também, para análise de regressão aleatória, distinguindo-se de RA1 por utilizar todos os registros de pesos disponíveis dos animais (do 1º ao 600º dia de idade – exceto pesos ao nascimento) e não somente os aproveitados para a análise multicaracterística. Este arquivo foi denominado de arquivo para análise de regressão aleatória completo (RA2). Os registros de pesos foram agrupados dentro de classes mensais de acordo com a idade em que foram tomados, totalizando 20 classes. Dados fora da faixa dada pela média, obtida para os pesos (não ajustados) considerados dentro de classe e sexo,  $\pm 3$  desvios-padrão foram eliminados. Em RA2, todos os grupos contemporâneos possuíam no mínimo cinco animais e totalizaram 3.571 grupos. RA2 ficou composto por 359.707 registros de 84.215 animais, filhos de 1.530 touros e 33.821 matrizes e, netos de 1.564 avôs maternos. O acréscimo no número de registros de peso, em relação à MC e RA1, foi de 67,43%. A estrutura de RA2, com relação ao número de registros por animal, está apresentada na Tabela 5. O número de

registros e a média de peso corporal para cada idade (arquivo RA2) estão apresentados na Figura 3.

Tabela 5 – Estrutura do arquivo para análise de regressão aleatória completo (RA2), com relação ao número de registros por animal

<b>Análise dos dados</b>	<b>Número</b>	<b>%</b>
Total de registros	359.707	-
Animais com registros	84.215	100,000
Animais com 1 registro	5.235	6,216
Animais com 2 registros	12.679	15,056
Animais com 3 registros	13.930	16,541
Animais com 4 registros	11.196	13,295
Animais com 5 registros	12.893	15,310
Animais com 6 registros	20.044	23,801
Animais com 7 registros	8.095	9,612
Animais com 8 registros	141	0,167
Animais com 9 registros	2	0,002

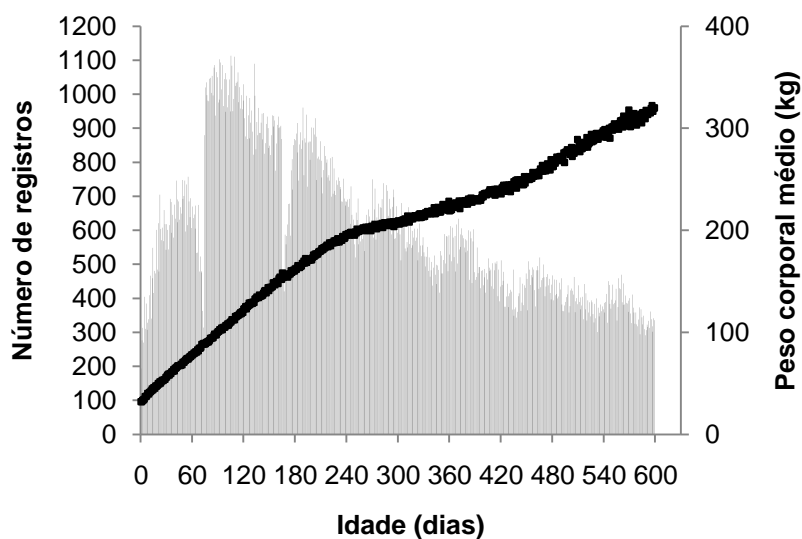


Figura 3 – Número de registros (barras cinza) e peso corporal médio (quadrados pretos) para cada idade (Arquivo RA2).

A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco utilizada tanto na análise multicaracterística quanto nas análises de regressão aleatória continha 111.959 animais.

A organização e a análise de consistência dos arquivos de dados foram realizadas utilizando os softwares SAS 9.0 (2002) e MATLAB 6.5.13 (The Mathworks, 2002).

## 2.0. Modelo Multicaracterístico

O modelo animal multicaracterístico (MMC), com quatro características de ponderal, peso aos 120 (P120), 240 (P240), 360 (P360) e 480 (P480), foi definido como se segue:

$$y_{ijtk} = GC_{tk} + \sum_{l=1}^4 [b_{lgt} * z_l(IVP_i)] + [c_{kt} * (DEN_i)] + a_{it} + m_{jt} + pm_{jt} + e_{ijtk}$$

em que:

$y_{ijtk}$  = registro da característica t, do animal i, filho da vaca j e pertencente ao grupo contemporâneo k;

$GC_{tk}$  = efeito fixo do grupo contemporâneo k, formado por animais do mesmo sexo e nascidos no mesmo ano, estação de nascimento e fazenda, para a característica t;

$z_l(IVP_i)$  =  $l^{ésima}$  função do modelo de polinômio segmentado quadrático adotado para o efeito da idade da vaca ao parto (2,5 a 14,5 anos de idade - IVP) do animal i, aninhado dentro de sexo g, sendo que:

$$z_1(IVP_i) = (IVP_i - 2,5) / 12,$$

$$z_2(IVP_i) = [z_1(IVP_i)]^2,$$

$$z_3(IVP_i) = \{\text{máximo } [0, (z_1(IVP_i) - 1/3)]\}^2,$$

$z_4(IVP_i) = \{\text{máximo } [0, (z_1(IVP_i) - 2/3)]\}^2$ ;

$b_{lgt}$  = coeficiente de regressão para função l do modelo para o efeito de idade da vaca ao parto para animais do sexo g, sobre a característica t;

$DEN_i$  = desvio da data de nascimento do animal i em relação ao dia médio da estação de nascimento;

$c_{kt}$  = coeficiente de regressão em função de  $DEN_i$ , aninhado dentro de grupo contemporâneo k, para a característica t;

$a_{it}$  = efeito aleatório genético aditivo direto do animal i, para a característica t;

$m_{jt}$  = efeito aleatório genético aditivo materno da vaca j, para a característica t;

$pm_{jt}$  = efeito aleatório permanente materno da vaca j, para a característica t;

$e_{ijtk}$  = efeito aleatório residual.

O modelo pode ser descrito, matricialmente, da seguinte forma:

$$y = X\beta + Z_1 a + Z_2 m + Z_3 pm + \varepsilon$$

em que:

y é o vetor dos registros ajustados para idade padrão;  $\beta$  é o vetor de efeitos fixos e covariáveis; a é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; m é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos; pm é o vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos;  $Z_1$ ,  $Z_2$  e  $Z_3$  são as matrizes de incidência para os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente materno, respectivamente; e  $\varepsilon$  é o vetor de efeitos aleatórios residuais.

O modelo é baseado nas seguintes pressuposições:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ pm \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } V \begin{bmatrix} a \\ m \\ pm \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_a \otimes A & G_{am} \otimes A & 0 & 0 \\ G_{ma} \otimes A & G_m \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Q \otimes I_q & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \otimes I_o \end{bmatrix},$$

em que  $G_a$  é uma matriz de (co) variâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos 4x4;  $G_m$  é uma matriz de (co) variâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos 4x4;  $G_{am}$  ( $= G'_{ma}$ ) é uma matriz de covariâncias entre efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos e maternos 4x4;  $Q$  é uma matriz de (co) variâncias de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno 4x4;  $R$  é uma matriz de (co) variâncias de efeitos aleatórios residuais 4x4;  $A$  é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco;  $I_q$  é uma matriz identidade cuja ordem é o número de mães;  $I_o$  é uma matriz identidade cuja ordem é o número de animais com registros; e  $\otimes$  é o operador produto de Kronecker.

### 3.0. Modelo de regressão aleatória (MRA)

Dois modelos de regressão aleatória foram aplicados aos arquivos RA1 (MRA1) e RA2 (MRA2). Estes apenas se diferenciaram quanto ao número de classes usadas para modelar a variância residual (assumiu-se heterogeneidade de variância residual). Para MRA1 foram definidas quatro classes formadas pelos intervalos 75 a 180, 181 a 300, 301 a 420 e, 421 a 525 dias, enquanto que para MRA2 foram definidas seis classes formadas pelos intervalos 1 a 60, 61 a 180, 181 a 300, 301 a 420, 421 a

540 e, 541 a 600 dias. Assim sendo, a descrição feita a seguir é comum a ambos os modelos.

O MRA foi ajustado por polinômios segmentados lineares do tipo B, com seis nós localizados nos pontos 0, 120, 240, 360, 480 e 600 dias. A localização dos nós foi feita de forma que estes coincidisse com as características definidas no MMC e que fossem uniformemente espaçados dentro do intervalo estudado.

O MRA foi definido como se segue:

$$\begin{aligned}
 y_{rijk} = & \sum_{n=1}^6 [b_{nk} * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 \sum_{l=1}^4 [c_{nlg} * z_l(IVP_i) * s_n(t)] + \\
 & \sum_{n=1}^6 [d_{nk} * DEN_i * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 [a_{ni} * s_n(t)] + \\
 & \sum_{n=1}^6 [m_{nj} * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 [pm_{nj} * s_n(t)] + \\
 & \sum_{n=1}^6 [pa_{ni} * s_n(t)] + e_{rijk} ,
 \end{aligned}$$

em que:

$y_{rijk}$  é o  $r^{ésimo}$  registro do animal  $i$ , filho da mãe  $j$  e pertencente ao grupo contemporâneo  $k$  (definido igual ao MMC);

$s_n(t)$  =  $n^{ésima}$  função do modelo de polinômio segmentado linear do tipo B adotado para o efeito da idade do animal  $i$  ( $t$ ), sendo que:

$$s_1(t) = \begin{cases} (120-t)/120, & \text{se } 0 \leq t < 120 \\ 0, & \text{caso contrário (c.c.)} \end{cases} ,$$

$$s_2(t) = \begin{cases} (t-0)/120, & \text{se } 0 < t \leq 120 \\ (240-t)/120, & \text{se } 120 < t < 240 \\ 0, & \text{c.c.} \end{cases} ,$$

$$s_3(t) = \begin{cases} (t-120)/120, & \text{se } 120 < t \leq 240 \\ (360-t)/120, & \text{se } 240 < t < 360 \\ 0, & \text{c.c.} \end{cases} ,$$

$$s_4(t) = \begin{cases} (t-240)/120, & \text{se } 240 < t \leq 360 \\ (480-t)/120, & \text{se } 360 < t < 480 \\ 0, & \text{c.c.} \end{cases} ,$$

$$s_5(t) = \begin{cases} (t-360)/120, & \text{se } 360 < t \leq 480 \\ (600-t)/120, & \text{se } 480 < t < 600 \\ 0, & \text{c.c.} \end{cases} ,$$

$$s_6(t) = \begin{cases} (t-480)/120, & \text{se } 480 < t \leq 600 \\ 0, & \text{c.c.} \end{cases} ;$$

$b_{nk}$  = coeficiente de regressão para a função  $n$  da idade do animal  $i$ , aninhado dentro do grupo contemporâneo  $k$ ;

$z_i(\text{IVP}_i)$  =  $l^{\text{ésima}}$  função do modelo de polinômio segmentado quadrático adotado para o efeito da idade da vaca ao parto (IVP) do animal  $i$ ,

$c_{nlg}$  = coeficiente de regressão para a combinação da função  $l$  da idade da vaca ao parto e função  $n$  do efeito da idade do animal, aninhado dentro de sexo  $g$ . Esta forma de modelagem do efeito da idade da vaca ao parto estabelece que este efeito é dependente da idade do animal (filho), sendo que o efeito para uma idade de animal entre dois nós é dado pela média para o efeito nos dois nós adjacentes ponderada de acordo com a proximidade da idade em relação aos nós;

$\text{DEN}_i$  = desvio da data de nascimento do animal  $i$  em relação ao dia médio da estação de nascimento, aninhado dentro de grupo contemporâneo;

$d_{nk}$  = coeficiente de regressão para a combinação de  $\text{DEN}_i$  e a função  $n$  do efeito da idade do animal, aninhado dentro de grupo contemporâneo  $k$ ;

$a_{ni} = n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório aditivo direto do animal  $i$ ;

$m_{nj}$  =  $n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório aditivo materno da vaca  $j$ ;

$pm_{nj}$  =  $n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório de ambiente permanente materno da vaca  $j$ ;

$pa_{ni}$  =  $n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório de ambiente permanente direto do animal  $i$ ;

$e_{rijk}$  = efeito aleatório residual.

Na forma matricial, o modelo com suas respectivas pressuposições podem ser escritos como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3pm + Z_4pa + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ pm \\ pa \\ \epsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} e, V \begin{bmatrix} a \\ m \\ pm \\ pa \\ \epsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & K_{am} \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ K_{ma} \otimes A & K_m \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_{pm} \otimes I_v & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & K_{pa} \otimes I_o & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que  $y$  é o vetor de registros;  $\beta$  é um vetor que contém os coeficientes de regressão fixa (incluiu  $b_{nk}$ ,  $c_{nlg}$  e  $d_{nk}$ );  $a$  é um vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos;  $m$  é um vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos;  $pm$  é um vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno;  $pa$  é um vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente direto;  $\epsilon$  é um vetor de efeitos residuais aleatórios;  $X$ ,  $Z_1$ ,  $Z_2$ ,  $Z_3$  e  $Z_4$  referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes da regressão fixa, aleatórios genético aditivo direto, aleatórios genético aditivo materno, aleatórios de ambiente permanente materno e aleatórios de ambiente permanente direto, respectivamente.  $K_a$ ,  $K_m$ ,  $K_{pm}$  e  $K_{pa}$  são as matrizes de (co) variâncias dos coeficientes de regressão aleatória

genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;  $K_{am} = K'_{ma}$  é a matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto e genético aditivo materno;  $A$  é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco;  $I_v$  é uma matriz identidade de dimensão  $v$  (número de vacas com filhos com registro);  $I_o$  é uma matriz identidade de dimensão  $o$  (número de animais com registro);  $\otimes$  o operador produto de Kronecker;  $R$  é uma matriz diagonal de variâncias residuais, em que se usou quatro classes para MRA1 e seis classes para MRA2, conforme já especificado anteriormente.

Os MRA assim definidos assumem que o modelo para um peso coletado a uma dada idade é igual a uma média ponderada do modelo adotado para a análise multicaracterística nos dois nós adjacentes.

#### **4.0. Decomposição espectral das matrizes de (co) variâncias genéticas**

Para compreender melhor a natureza do processo de crescimento dos animais foi realizada a decomposição espectral das matrizes de (co) variâncias genéticas do 1<sup>o</sup> ao 600<sup>o</sup> dia.

Uma matriz de (co) variância ( $\Sigma$ ) pode ser decomposta em:

$$\Sigma = E\Lambda E',$$

em que,

$E$  é a matriz de autovetores;

$\Lambda$  é a matriz diagonal de autovalores  $\lambda$ .

Os autovalores genéticos aditivos diretos e maternos para MMC foram calculados por:

$$\text{Det}(G_a - \lambda_a I) = 0 \text{ e } \text{Det}(G_m - \lambda_m I) = 0$$

em que:

Det é o determinante;

I é a matriz identidade de mesma ordem de  $G_a$  e  $G_m$ ;

$\lambda_a$  e  $\lambda_m$  são os autovalores genéticos aditivos direto e materno, respectivamente, para MMC (elementos da diagonal de  $\Lambda$ ).

Os autovetores genéticos aditivos diretos e maternos para MMC foram calculados por:

$$(G_a - \lambda_{ai} I)x_{ai} = 0 \text{ e } (G_m - \lambda_{mi} I)x_{mi} = 0$$

em que:

$x_{ai}$  é autovetor genético aditivo direto associado ao autovalor  $\lambda_{ai}$ ;

$x_{mi}$  é autovetor genético aditivo materno associado ao autovalor  $\lambda_{mi}$ .

Os autovalores genéticos aditivos diretos e maternos para MRA2 foram calculados por:

$$\text{Det}(SK_a S' - \delta_a I) = 0 \text{ e } \text{Det}(SK_m S' - \delta_m I) = 0$$

em que:

S é a matriz 601x6 com linhas iguais a [  $s_1(t)$   $s_2(t)$   $s_3(t)$   $s_4(t)$   $s_5(t)$   $s_6(t)$  ], com t variando de 0 a 600;

I é a matriz identidade de mesma ordem de  $SK_a S'$  e  $SK_m S'$ ;

$\delta_a$  e  $\delta_m$  são os autovalores genéticos aditivos direto e materno, respectivamente, para MRA2 (elementos da diagonal de  $\Lambda$ ).

Os autovetores genéticos aditivos diretos e maternos para MRA2 foram calculados por:

$$(SK_a S' - \delta_{ai} I) u_{ai} = 0 \text{ e } (SK_m S' - \delta_{mi} I) u_{mi} = 0$$

em que:

$u_{ai}$  é o autovetor genético aditivo direto associado ao autovalor  $\delta_{ai}$  para MRA2;

$u_{mi}$  é o autovetor genético aditivo materno associado ao autovalor  $\delta_{mi}$  para MRA2.

Os autovetores foram multiplicados pela raiz quadrada dos autovalores correspondentes a fim de visualizar o impacto das variações destes componentes na escala real dos dados observados.

## **5.0. Estimação de componentes de (co) variância e predição de valores genéticos**

A estimação dos componentes de (co) variância para o MMC foi realizada por abordagem Bayesiana via amostrador de Gibbs, utilizando uma cadeia de 220.000 ciclos, burn-in igual a 20.000 e intervalo amostral igual a 20, resultando em 10.000 amostras. Foi utilizado o programa Gibbs2f90 (Misztal, 2001).

A estimação dos componentes de (co) variância para os MRA foi realizada por abordagem Bayesiana via amostrador de Gibbs. Utilizou-se uma cadeia de 110.000 ciclos, burn-in igual a 10.000 e intervalo amostral igual a 10, resultando em 10.000 amostras. Foi utilizado o programa Gibbs3f90 (Misztal, 2002).

Foram consideradas as prioris do *default* dos programas.

A convergência foi verificada por análise gráfica visual e pela análise do tamanho amostral efetivo.

A predição dos valores genéticos foi realizada utilizando respectivamente, os programas BLUP90IOD2 (análise multicausal) e BLUP90IOD2r (análise de regressão aleatória), disponibilizados, gentilmente, pelos Dr. Shogo Tsuruta e Prof. Ignacy Misztal, da University of Georgia, EUA.

#### **6.0. Comparação da classificação dos animais segundo os valores genéticos preditos usando MMC, MRA1 e MRA2**

Para a avaliação da classificação dos animais foram estimadas correlações de Pearson entre os valores genéticos aditivos diretos para P120, P240, P360 e P480 e, total maternal aos 240 dias (TM240 = somatório da metade do valor genético aditivo direto para P240 e o valor genético aditivo materno para P240) de touros, vacas e produtos, preditos por MRA1, MRA2 e MMC. Foram considerados touros com 20 ou mais filhos (776 touros); vacas com 2 a 6 filhos (16.982 vacas); e, produtos com menos de 2 anos e pelo menos um registro de peso (9.876 produtos). Também, avaliou-se a porcentagem de animais em comum quando se selecionou os 100 melhores touros (com 20 ou mais filhos) para P480 e TM240, avaliados por MRA1, MRA2 e MMC.

## Resultados e Discussão

### 1.0. Componentes de (co) variância

Nas Tabelas 6 e 7 estão apresentadas as médias e desvios-padrão (DP) a posteriori, intervalo de maior probabilidade a posteriori a 95% (intervalo HPD 95%) dos componentes de (co) variância genética aditiva direta e materna, respectivamente, para seis idades estimados usando os modelos multicaracterístico (MMC) e de regressão aleatória (MRA1 e MRA2). As estatísticas relacionadas às cadeias de Monte Carlo para todos os efeitos dos três modelos para as idades de 0, 120, 240, 360, 480 e 600 dias estão apresentadas no ANEXO.

De maneira geral, os MRA apresentaram estimativas com menores DP e com intervalos HPD 95% de menores amplitudes o que pode ser indicativo de estimativas mais precisas. O maior aproveitamento dos dados promovido por esses modelos pode ser um dos fatores que contribuem para esses resultados. Entre os MRA, MRA2 apresentou os menores DP e menores amplitudes de intervalo HPD 95%, reforçando a importância do maior aproveitamento dos dados para uma melhor qualidade de modelagem. Ainda neste contexto, observa-se que as diferenças entre MRA1 e MRA2 foram maiores exatamente para as idades 0 e 600 dias, regiões em que MRA2 contou com número bem superior de registros de peso do que MRA1. Inclusive, nos períodos próximos a estas idades, MRA1 apresentou estimativas de componentes de (co) variância fora do que seria esperado biologicamente, possivelmente, em decorrência do menor número de dados.

Tabela 6 – Médias e desvios-padrão (DP) a posteriori, intervalo de maior probabilidade a posteriori a 95% (Intervalo HPD 95%) dos componentes de (co) variância genética aditiva direta para seis idades estimados usando os modelos multicaracterístico (MMC) e de regressão aleatória (MRA1 e MRA2)

Idades	MMC	MRA1	MRA2
	Média ± DP (Intervalo HPD 95%)	Média ± DP (Intervalo HPD 95%)	Média ± DP (Intervalo HPD 95%)
<b>0</b>	-	<b>33,9 ± 13,7</b> <b>(7,2 – 57,6)</b>	<b>2,0 ± 0,4</b> <b>(1,3 – 2,9)</b>
0 – 120	-	3,1 ± 6,3 (-8,9 – 13,1)	7,1 ± 0,9 (5,5 – 8,9)
0 – 240	-	1,9 ± 14,9 (-23,6 – 27,8)	7,7 ± 1,2 (5,4 – 9,9)
0 – 360	-	12,2 ± 17,0 (-18,6 – 40,9)	6,9 ± 1,4 (4,4 – 9,9)
0 – 480	-	22,6 ± 21,8 (-15,7 – 63,5)	9,1 ± 1,9 (5,9 – 13,8)
0 – 600	-	15,0 ± 4,3 (7,6 – 23,3)	10,0 ± 2,7 (5,3 – 16,2)
<b>120</b>	<b>44,1 ± 3,6</b> <b>(37,0 – 51,2)</b>	<b>42,7 ± 3,4</b> <b>(36,2 – 49,2)</b>	<b>47,9 ± 3,4</b> <b>(41,2 – 54,6)</b>
120 – 240	58,5 ± 5,1 (48,6 – 68,8)	54,7 ± 4,7 (45,2 – 63,8)	62,1 ± 4,6 (52,8 – 70,7)
120 – 360	63,2 ± 5,9 (51,7 – 74,7)	49,7 ± 5,0 (39,9 – 58,9)	55,3 ± 4,4 (47,0 – 64,1)
120 – 480	69,3 ± 7,0 (56,5 – 83,5)	60,3 ± 6,3 (48,9 – 72,8)	66,4 ± 5,9 (55,0 – 77,8)
120 – 600	-	11,1 ± 3,6 (4,0 – 17,3)	76,3 ± 8,0 (62,1 – 94,1)
<b>240</b>	<b>98,6 ± 8,7</b> <b>(81,9 – 115,9)</b>	<b>103 ± 9,1</b> <b>(85,9 – 121,6)</b>	<b>112,1 ± 8,2</b> <b>(96,1 – 127,6)</b>
240 – 360	107,4 ± 9,5 (88,0 – 125,6)	99,5 ± 8,3 (83,8 – 116,6)	111,7 ± 7,8 (97,0 – 127,1)
240 – 480	114,9 ± 11,3 (92,5 – 137,0)	118 ± 11,4 (95,9 – 140)	130,9 ± 9,3 (113,3 – 149,6)
240 – 600	-	24,5 ± 6,6 (11,8 – 34,6)	156,8 ± 13,4 (131,3 – 184,7)
<b>360</b>	<b>134,2 ± 12,1</b> <b>(111,4 – 158,5)</b>	<b>121,4 ± 9,9</b> <b>(102,5 – 141,1)</b>	<b>126,1 ± 9,1</b> <b>(108,6 – 143,4)</b>
360 – 480	149,7 ± 14,3 (123,3 – 178,6)	149,4 ± 12,5 (122 – 172,1)	157,4 ± 11,9 (135,7 – 180,8)
360 – 600	-	38,0 ± 5,8 (26,4 – 48,6)	187,9 ± 15,5 (157,5 – 218,4)
<b>480</b>	<b>175,7 ± 19,1</b> <b>(139,5 – 214,7)</b>	<b>202,9 ± 18,4</b> <b>(163,2 – 238,0)</b>	<b>211,1 ± 16,9</b> <b>(178,7 – 243,6)</b>
480 – 600	-	56,2 ± 7,2 (42,0 – 69,2)	250,4 ± 20,2 (213,0 – 291,4)
<b>600</b>	-	<b>22,1 ± 3,7</b> <b>(15,3 – 29,6)</b>	<b>314,5 ± 26,0</b> <b>(260,4 – 364,5)</b>

Tabela 7 – Médias e desvios-padrão (DP) a posteriori, intervalo de maior probabilidade a posteriori a 95% (Intervalo HPD 95%) dos componentes de (co) variância genética aditiva materna para seis idades estimados usando os modelos multicaracterístico (MMC) e de regressão aleatória (MRA1 e MRA2)

Idades	MMC	MRA1	MRA2
	Média ± DP (Intervalo HPD 95%)	Média ± DP (Intervalo HPD 95%)	Média ± DP (Intervalo HPD 95%)
<b>0</b>	-	<b>35,4 ± 12,9</b> <b>(8,6 – 56,9)</b>	<b>1,3 ± 0,4</b> <b>(0,6 – 2,1)</b>
0 – 120	-	6,5 ± 2,7 (0,8 – 11,7)	1,6 ± 0,7 (0,4 – 2,9)
0 – 240	-	12,6 ± 3,6 (5,8 – 19,5)	0,8 ± 0,9 (-0,8 – 2,7)
0 – 360	-	12,3 ± 4,6 (3,5 – 20,6)	0,5 ± 0,9 (-1,0 – 2,1)
0 – 480	-	7,7 ± 4,2 (-0,7 – 15,4)	0,7 ± 1,0 (-1,3 – 2,6)
0 – 600	-	23,6 ± 11,7 (5,9 – 46,8)	0,5 ± 1,3 (-1,7 – 3,5)
<b>120</b>	<b>23,4 ± 2,1</b> <b>(19,5 – 27,5)</b>	<b>22,5 ± 2,1</b> <b>(18,5 – 26,8)</b>	<b>25,7 ± 2,5</b> <b>(20,9 – 30,7)</b>
120 – 240	31,9 ± 2,9 (26,3 – 37,9)	31,4 ± 2,7 (26,1 – 36,7)	34,3 ± 3,1 (28,1 – 40)
120 – 360	24,7 ± 2,5 (19,9 – 29,6)	20,6 ± 2,2 (16,4 – 25,1)	24,7 ± 2,7 (19,5 – 30,1)
120 – 480	20,9 ± 3,1 (15,3 – 27,0)	17 ± 2,7 (12,0 – 22,3)	23,1 ± 2,9 (17,3 – 28,5)
120 – 600	-	17,8 ± 4,2 (8,9 – 25,2)	21,9 ± 3,5 (15,7 – 28,9)
<b>240</b>	<b>49,5 ± 5,1</b> <b>(40,2 – 59,9)</b>	<b>54,9 ± 4,6</b> <b>(45,7 – 63,8)</b>	<b>54,6 ± 4,6</b> <b>(45,5 – 63,7)</b>
240 – 360	37,1 ± 4,1 (29,4 – 45,3)	36,6 ± 4,0 (28,8 – 44,1)	40,5 ± 4,1 (32,7 – 48,7)
240 – 480	32,9 ± 4,9 (23,6 – 42,7)	30,3 ± 5,2 (20,9 – 40,1)	35,9 ± 4,6 (27,6 – 44,6)
240 – 600	-	25,1 ± 6,6 (12,1 – 36,6)	35,7 ± 5,3 (25,5 – 46,0)
<b>360</b>	<b>31,2 ± 3,7</b> <b>(24,8 – 38,9)</b>	<b>32,1 ± 4,8</b> <b>(23,7 – 41,0)</b>	<b>33,1 ± 4,1</b> <b>(25,8 – 41,4)</b>
360 – 480	28,8 ± 4,2 (21,4 – 37,2)	27,1 ± 5,4 (17,0 – 36,4)	30,9 ± 4,4 (23,5 – 39,4)
360 – 600	-	23,3 ± 7,2 (6,8 – 34,4)	30,2 ± 4,5 (21,1 – 38,8)
<b>480</b>	<b>35,6 ± 6,2</b> <b>(23,1 – 47,5)</b>	<b>32,5 ± 6,5</b> <b>(19,9 – 45,0)</b>	<b>34,8 ± 5,0</b> <b>(25,9 – 43,9)</b>
480 – 600	-	22,3 ± 8,1 (4,4 – 37,0)	33,3 ± 5,3 (22,0 – 43,4)
<b>600</b>	-	<b>54,8 ± 26,5</b> <b>(12,2 – 96,1)</b>	<b>46,6 ± 9,1</b> <b>(28,1 – 65,8)</b>

Na Figura 4, estão apresentadas as estimativas de variância genética aditiva direta, genética aditiva materna, ambiente permanente materno, ambiente permanente direto, residual composta e fenotípica para e MMC, MRA1 e MRA2. A variância residual composta (VRcomp) foi calculada somando-se a variância de ambiente permanente direto (VAPD) e a variância residual (VR), sendo importante seu cálculo, pois, equivale, em um MRA, a VR estimada para MMC. Assim, para MRA1 e MRA2, VRComp é igual a VAPD+VR e para MMC, VRComp é igual a VR.

As estimativas de variância genética aditiva direta (VGAD) para MRA1, MRA2 e MMC foram crescentes e similares para pesos dos 120 aos 480 dias (Figura 4 – a). A partir dos 480 dias, as estimativas de VGAD para MRA1 decresceram, enquanto as de MRA2 continuaram crescentes até os 600 dias, concordando com os resultados encontrados por Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010), que estudando a curva de crescimento de bovinos da raça Tabapuã usando MRA com polinômios ortogonais de Legendre, relataram estimativas de VGAD crescentes do nascimento aos 550 e 580 dias, respectivamente. Boligon et al. (2010), em estudo da curva de crescimento de bovinos da raça Nelore usando MRA com polinômios ortogonais de Legendre, também, relataram estimativas de VGAD crescentes do nascimento aos 2.400 dias de idade. Efeito de escala é um dos fatores que contribuem para estes valores crescentes de VGAD ao longo da curva de crescimento. Uma possível explicação para a queda da variância após os 480 dias em MRA1 pode ser o menor número de registros de pesos disponíveis para pesos acima dos 480 dias, o que pode ter comprometido a estimação correta das

variâncias. Sakaguti (2000), em estudo sobre a curva de crescimento de bovinos da raça Tabapuã usando MRA com polinômios ortogonais de Legendre, relataram uma queda de VGAD após os 480 dias.

As estimativas de variância genética aditiva materna (VGAM), também, foram similares para MRA1, MRA2 e MMC (Figura 4 – b). As estimativas de VGAM aumentaram dos 120 até os 240 dias, decresceram dos 240 para 360 e retornaram a um leve crescimento dos 360 dias aos 480 dias. Após 480 dias, para MRA2, observou-se aumento mais acentuado de VGAM. Estes resultados corroboram os apresentados por Sousa Júnior et al. (2010). Estimativas de VGAM crescentes até os 240 dias de idade são esperados, pois, constitui o período de vida do animal no qual este mais sofre as influências maternas. Boligon et al. (2010) obtiveram curva de VGAM semelhante a encontrada neste estudo, porém, o pico de variância foi em torno do 300 dias e após este ponto foram decrescentes.

Com relação ao efeito de ambiente permanente materno, os três modelos apresentaram estimativas de variância similares dos 120 aos 480 dias (Figura 4 – c). O comportamento das estimativas de variância de ambiente permanente materno (VAPM) foi semelhante ao obtido para o efeito genético aditivo materno. No entanto, em MRA1, após os 480 dias, houve um crescimento abrupto da variância não condizente com a realidade biológica causado, possivelmente, por número reduzido de registros de peso nesta faixa de idade, como já comentado anteriormente. Estes resultados diferiram daqueles obtidos por Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010) que reportaram estimativas VAPM crescentes do

nascimento aos 550 e 580 dias, respectivamente. Já os resultados de Boligon et al. (2010) corroboram os encontrados no presente estudo.

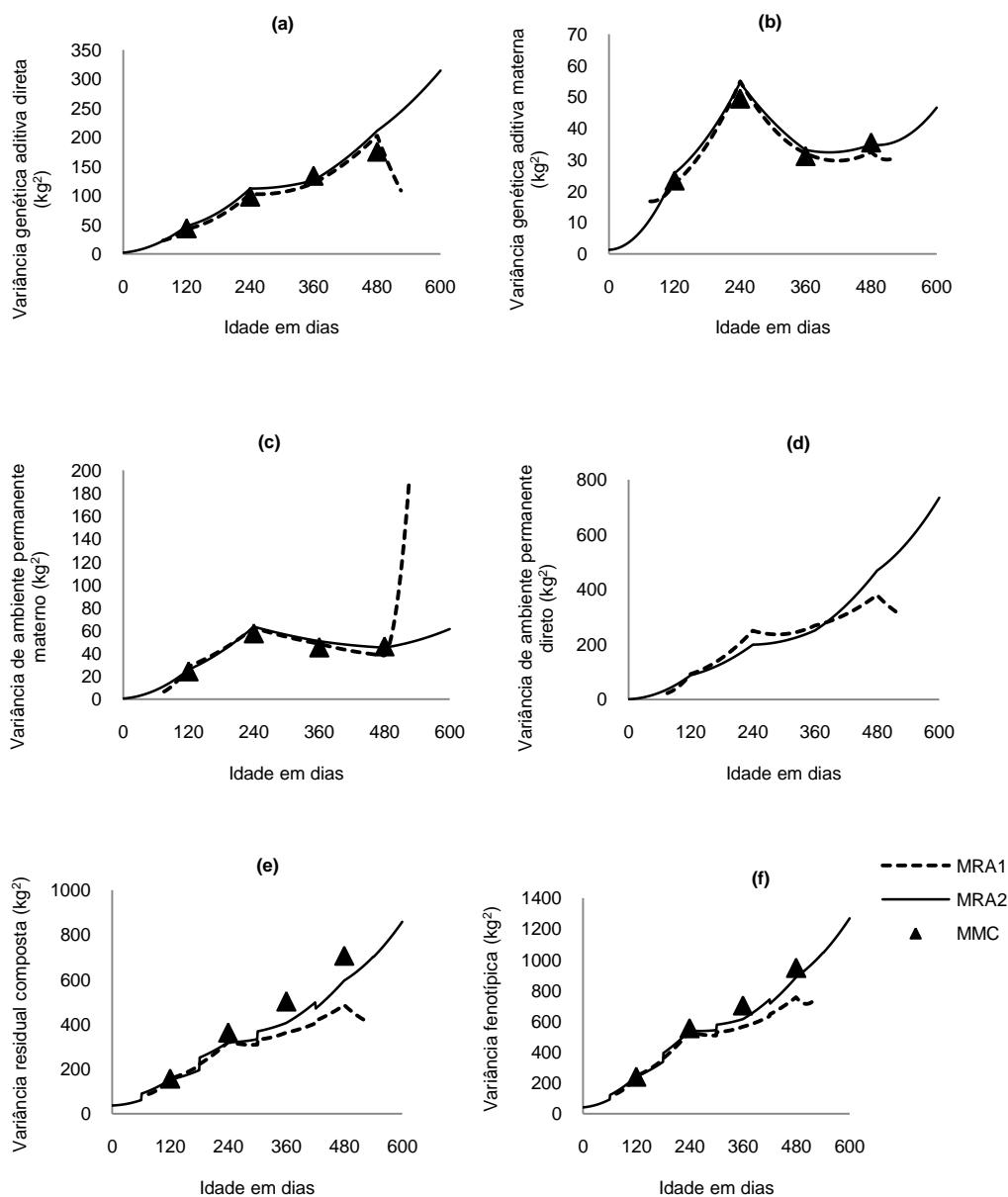


Figura 4 – Estimativas de variâncias genética aditiva direta (a), genética aditiva materna (b), ambiente permanente materno (c), ambiente permanente direto (d), residual composta (e) e fenotípica (f) obtidas pelos modelos de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e multicaracterístico (MMC).

As estimativas de VAPD para MRA1 e MRA2 foram crescentes do 120<sup>o</sup> aos 480<sup>o</sup> dia, decrescendo a partir dessa idade para MRA1 e

permanecendo crescente para MRA2. Os resultados encontrados para MRA2 estão de acordo com Dias et al. (2006), Sousa Júnior et al. (2010) e Boligon et al. (2010), os quais relataram VAPD crescentes ao longo de toda a curva de crescimento.

As estimativas de VRComp para os três modelos foram crescentes dos 120 aos 480 dias (Figura 4 – e). As estimativas para MMC foram superiores às de MRA1 e MRA2 do 240<sup>o</sup> ao 480<sup>o</sup> dia, o que pode ser indicativo de superioridade de modelagem dos MRA.

Quanto ao comportamento das estimativas de variância fenotípica (VF), este foi crescente para os três modelos (Figura 4 – f) concordando com os resultados de Dias et al. (2006), Sousa Júnior et al. (2010) e Boligon et al. (2010). As estimativas de VF de MRA2 e MMC foram bastante similares, enquanto as de MRA1 foram inferiores às dos dois outros modelos após os 240 dias.

## **2.0. Herdabilidades e coeficientes de participação na variância fenotípica**

Na Figura 5, estão apresentadas as estimativas de herdabilidades direta ( $h^2$ ) e materna ( $h_m^2$ ), e os coeficientes de participação na variância fenotípica para os efeitos de ambiente permanente materno ( $pm^2$ ), ambiente permanente direto ( $pa^2$ ) e variância residual composta ( $Rcomp^2$ ), obtidos pelos modelos de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e multicaracterístico (MMC).

As  $h^2$  estimadas por MRA1, MRA2 e MMC foram semelhantes, em tendência, para pesos aos 120 (P120), 240 (P240), 360 (P360) e 480 dias de idade (P480), mas as obtidas por regressão aleatória foram superiores,

especialmente para P480 (Figura 5 – a). O MRA1 apresentou uma queda abrupta de  $h^2$  após os 480 dias, não observada em MRA2 e não condizente com a realidade biológica, onde se esperam alterações mais suaves nos parâmetros. Esta discrepância pode ser proveniente da incapacidade do modelo de prover um ajuste adequado em regiões com reduzido número de registros de peso. Para MRA2, do 1º ao 120º dia de idade, as  $h^2$  saíram de 0,05 no dia 1 atingindo 0,20 aos 120 dias (Figura 5 – a). Esta tendência foi observada por Sousa Júnior et al. (2010), enquanto que Dias et al. (2006) apresentaram tendência antagônica com  $h^2$  decrescendo do nascimento aos 120 dias de idade.

As estimativas de  $h^2$  para MMC foram superiores às encontradas por Ferraz Filho et al. (2002) e inferiores às encontradas por Sakaguti (2000) e Câmpelo et al. (2004), que utilizaram modelo unicaracterístico e bicaracterístico, respectivamente, em estudo da curva de crescimento de bovinos da raça Tabapuã. Com relação aos MRA, as estimativas de  $h^2$  para P120, P240, P360 e P480 foram semelhantes às encontradas por Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010). No entanto, no presente estudo as  $h^2$  cresceram dos 120 aos 480 dias, tendência análoga à encontrada em Dias et al. (2006), mas contrária à encontrada por Sousa Júnior et al. (2010). Diante das estimativas de  $h^2$  encontradas neste trabalho, pode-se dizer que maiores ganhos genéticos seriam obtidos se a seleção fosse realizada considerando pesos tomados mais tardiamente na vida do animal. No entanto, ressalta-se que, quanto mais tardia a seleção para pesos, maior a chance de aumento do peso adulto das matrizes, uma vez que a correlação entre pesos a partir do sobreano com

o peso adulto é alta e que aumento no peso adulto de matrizes nem sempre é desejável (Boligon et al., 2008, Sousa Júnior, et al., 2010).

Para pesos próximos ao nascimento foram encontradas  $h^2$  menores que 0,10, diferentemente de Dias et al. (2006) que estimaram valores em torno de 0,30, mas concordantes com os encontrados por Sousa et al. (2010).

As  $h_m^2$  apresentaram baixa magnitude e tiveram tendência muito semelhante dos 120 aos 480 dias para os três modelos (Figura 5 – b), no entanto, como aconteceu para  $h^2$ , aquelas obtidas via regressão aleatória foram ligeiramente superiores. As estimativas de  $h_m^2$  foram mais altas entre o 120<sup>o</sup> e 240<sup>o</sup> dia, e sofreram considerável queda após o 240<sup>o</sup> dia, estabilizando-se após o 480<sup>o</sup> dia de idade. Estes resultados corroboram os encontrados por Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010) e apontam que, embora de baixa magnitude, maior resposta a seleção para habilidade materna em rebanhos da raça Tabapuã pode ser esperada com à seleção realizada com base em pesos próximos a desmama.

Discordância entre as  $h_m^2$  estimadas por MRA1 e MRA2 pode ser observada para o intervalo do 75<sup>o</sup> ao 120<sup>o</sup> dia de idade, em que enquanto MRA1 apresentou  $h_m^2$  decrescentes, MRA2 apresentou  $h_m^2$  crescentes (Figura 5 – b). O comportamento de  $h_m^2$  em MRA2 segue o comportamento observado para VGAM e  $h^2$  sendo, portanto, biologicamente mais aceitável. Outra causa para tal resultado é que o ajuste de MRA1 pode ter sido comprometido pelo menor número de registros de peso disponíveis em relação à MRA2.

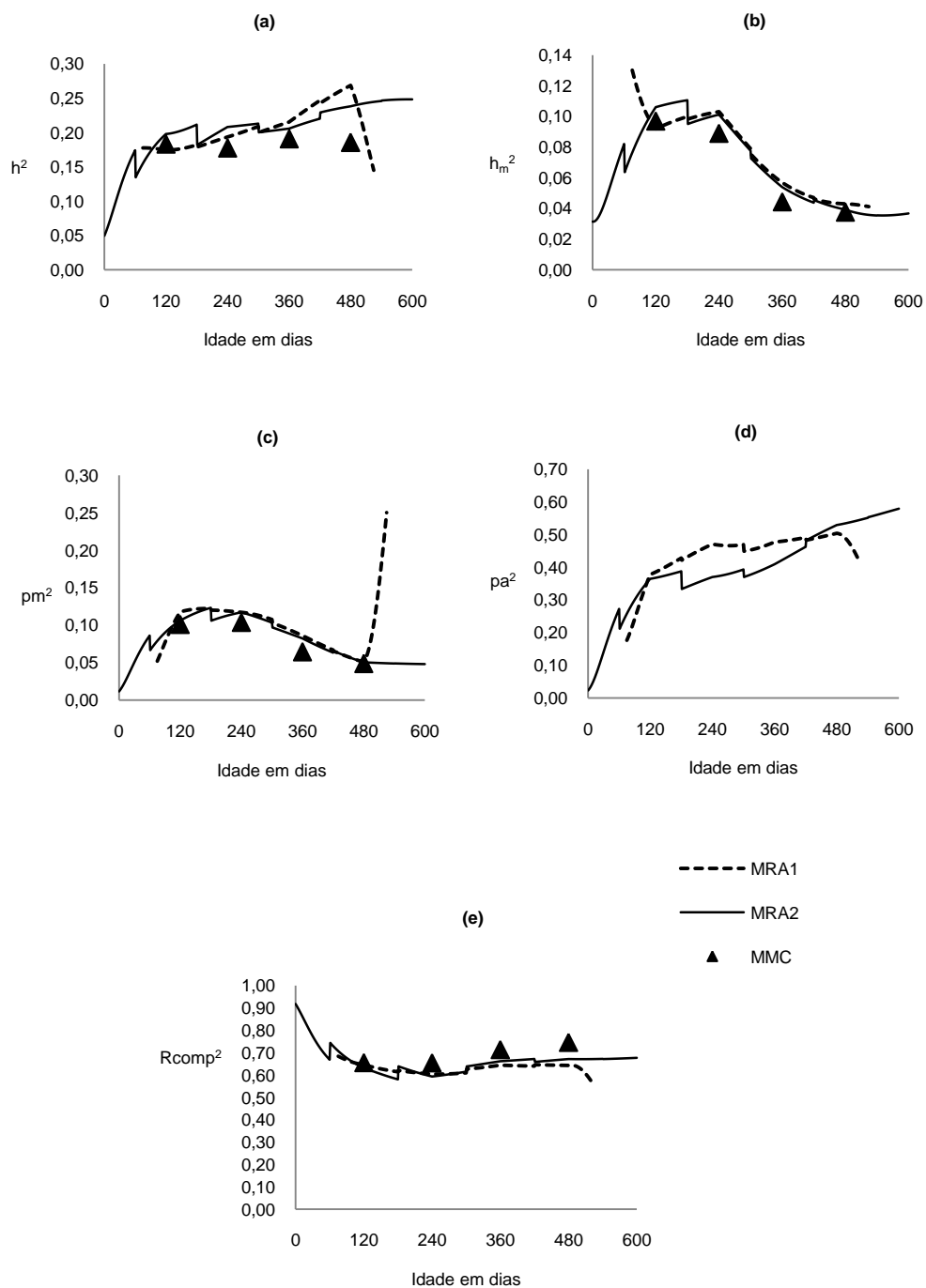


Figura 5 – Estimativas de herdabilidades direta ( $h^2$  – a) e materna ( $h_m^2$  – b), e das variâncias de ambiente permanente materno ( $pm^2$  – c), ambiente permanente direto ( $pa^2$  – d) e residual composta ( $R_{comp}^2$  – e) estimadas como proporções da variância fenotípica, obtidas pelos modelos de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e multicaracterístico (MMC).

As estimativas de  $h_m^2$  para MMC foram de semelhante magnitude às encontradas por Ferraz Filho et al. (2002) e Câmpelo et al. (2004). Com relação aos MRA, as estimativas de  $h_m^2$  para P120, P240, P360 e P480 foram similares às encontradas por Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010), que encontraram  $h_m^2$  máximas em torno de 0,10.

As estimativas de  $pm^2$  seguiram tendência similar à apresentada por  $h_m^2$  para os três modelos (Figura 5 – c). A queda de  $pm^2$ , após a desmama, indica que o efeito causado pelo ambiente maternal na fase pré-desmama se dilui ao longo da vida do animal, a semelhança dos efeitos de ganho compensatório, em decorrência de outros fatores que afetam o animal ao longo de sua vida. Sousa Júnior et al. (2010) observaram queda de  $pm^2$  do nascimento até em torno dos 400 dias de idade, seguido de um leve crescimento para idades maiores. Já Dias et al. (2006), obtiveram tendência semelhante à encontrada neste trabalho. Importante observar, para MRA1, o acentuado crescimento de  $pm^2$  após o 480º dia, o qual não apresenta explicação biológica sendo possivelmente fruto de problema de ajuste do modelo causado por limitação de informação nesta faixa de idades.

Para  $pa^2$ , observou-se tanto para MRA1 e MRA2, tendência de aumento ao longo da curva de crescimento (Figura 5 – d), coincidindo com os resultados de Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010).

Com relação à  $Rcomp^2$ , os resultados apresentados por MRA1, MRA2 e MMC foram próximos, com MMC apresentando valores um pouco superiores aos demais modelos (Figura 5 – e), o que pode indicar uma qualidade de ajuste superior para os MRA.

### **3.0. Correlações genéticas e ambientais**

As estimativas de correlações genéticas aditivas diretas entre P120, P240, P360 e P480 para os três modelos estão apresentadas na Tabela 8. Os resultados encontrados tanto para os MRA quanto para o MMC estão dentro da faixa de valores encontrados na literatura (Sakaguti, 2000; Ferraz Filho et al., 2002; Dias et al., 2006; Sousa Júnior et al., 2010). As estimativas obtidas pelos modelos de regressão aleatória foram próximas das obtidas pelo MMC, sendo que as últimas foram, de maneira geral, superiores as primeiras, enquanto que, entre os modelos de regressão aleatória, MRA1 apresentou estimativas inferiores às de MRA2. Iwaisaki et al. (2005), em estudo onde compararam as estimativas de parâmetros genéticos em bovinos da raça Gelbvieh obtidas com um modelo de regressão aleatória com polinômios segmentados lineares do tipo B e um modelo multicaracterístico, relataram que as estimativas obtidas pelo primeiro modelo foram inferiores às obtidas pelo segundo corroborando os resultados encontrados neste trabalho.

Outro aspecto importante que pode ser observado na Tabela 8 é que, independentemente do modelo, as correlações genéticas aditivas diretas foram menores à medida que as idades se distanciaram. Uma possível explicação para isso seria que tanto o grupo gênico quanto a expressão dos genes ligados ao crescimento varia ao longo da vida do animal, sendo esta expressão mais semelhante para idades mais próximas.

Tabela 8 – Estimativas de correlações genéticas aditivas diretas entre pesos aos 120, 240, 360 e 480 dias de idades, obtidas pelos modelos de regressão aleatória, MRA1 (acima da diagonal) e MRA2 (abaixo da diagonal) e multicaracterístico, MMC (entre parênteses e abaixo da diagonal)

<b>Característica</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P360</b>	<b>P480</b>
<b>P120</b>	-	0,83	0,69	0,65
<b>P240</b>	0,85 (0,89)	-	0,89	0,82
<b>P360</b>	0,71 (0,82)	0,94 (0,93)	-	0,95
<b>P480</b>	0,66 (0,79)	0,85 (0,87)	0,96 (0,98)	-

Na Tabela 9 estão apresentadas as estimativas de correlações genéticas aditivas maternas entre P120, P240, P360 e P480 para os três modelos. Os três modelos geraram correlações de magnitudes semelhantes entre si para as idades avaliadas, estando essas dentro da faixa de valores encontradas na literatura para a raça Tabapuã (Dias et al., 2006; Sousa Júnior et al., 2010). Valores elevados como os encontrados entre P120, P240 e P360, segundo Boligon et al. (2010), sugerem que os efeitos maternos para estas idades são controlados pelos mesmos genes. Conforme também encontrado para o efeito genético aditivo direto, as correlações genéticas aditivas maternas foram menores à medida que as idades se distanciaram. Note-se que o peso, diferentemente de outros dados longitudinais, é o resultado da soma acumulada do ganho ao longo da vida até o momento. Isto cria uma dependência estrutural que acarreta que as correlações entre medidas sejam predominantemente positivas.

Tabela 9 – Estimativas de correlações genéticas aditivas maternas entre pesos aos 120, 240, 360 e 480 dias de idades, obtidas pelos modelos de regressão aleatória, MRA1 (acima da diagonal) e MRA2 (abaixo da diagonal) e multicaracterístico, MMC (entre parênteses e abaixo da diagonal)

<b>Característica</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P360</b>	<b>P480</b>
<b>P120</b>	-	0,89	0,77	0,63
<b>P240</b>	0,92 (0,94)	-	0,87	0,72
<b>P360</b>	0,85 (0,91)	0,95 (0,94)	-	0,84
<b>P480</b>	0,77 (0,73)	0,82 (0,78)	0,91 (0,87)	-

Na Tabela 10 estão apresentadas as estimativas de correlações de ambiente permanente materno entre P120, P240, P360 e P480 para os três modelos. Igualmente às correlações genéticas, os três modelos apresentaram estimativas semelhantes e que foram menores à medida que as idades se distanciaram. Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010) encontraram estimativas bem similares às encontradas neste trabalho, sendo, de maneira geral, próximas à unidade. Valores tão altos de correlação indicam que os efeitos gerados pelo meio proporcionado pela mãe durante a fase pré-desmama é importante ao longo de toda a vida do animal, o que reafirma a importância de vacas com boa habilidade materna para o sucesso de um sistema de produção de gado de corte.

Tabela 10 – Estimativas de correlações de ambiente permanente materno entre pesos aos 120, 240, 360 e 480 dias de idades, obtidas pelos modelos de regressão aleatória, MRA1 (acima da diagonal) e MRA2 (abaixo da diagonal) e multicaracterístico, MMC (entre parênteses e abaixo da diagonal)

<b>Característica</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P360</b>	<b>P480</b>
<b>P120</b>	-	0,95	0,91	0,89
<b>P240</b>	0,95 (0,97)	-	0,97	0,93
<b>P360</b>	0,90 (0,95)	0,98 (0,99)	-	0,95
<b>P480</b>	0,85 (0,87)	0,93 (0,96)	0,97 (0,97)	-

As estimativas de correlações de ambiente permanente direto para os dois modelos de regressão aleatória (Tabela 11) foram de mesma magnitude e, também, tenderam a serem menores à medida que as idades se distanciaram. Os resultados foram próximos aos encontrados por Dias et al. (2006) e Sousa Júnior et al. (2010). Por exemplo, esses autores estimaram correlação entre P240 e peso aos 365 dias (P365) igual a 0,92, enquanto neste trabalho obtiveram-se estimativas entre P240 e P360 iguais a 0,90 e 0,83, respectivamente, para MRA1 e MRA2.

Tabela 11 – Estimativas de correlações de ambiente permanente direto entre pesos aos 120, 240, 360 e 480 dias de idades, obtidas pelos modelos de regressão aleatória, MRA1 (acima da diagonal) e MRA2 (abaixo da diagonal)

<b>Característica</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P360</b>	<b>P480</b>
<b>P120</b>	-	0,85	0,59	0,56
<b>P240</b>	0,88	-	0,83	0,66
<b>P360</b>	0,65	0,90	-	0,92
<b>P480</b>	0,49	0,73	0,95	-

As estimativas de correlações residuais compostas (MRA1 e MRA2) e residuais (MMC) (Tabela 12) foram semelhantes tornando-se menores à medida que as idades se distanciaram.

Tabela 12 – Estimativas de correlações residuais compostas (MRA1 e MRA2) e residuais (MMC) entre pesos aos 120, 240, 360 e 480 dias de idades, obtidas pelos modelos de regressão aleatória, MRA1 (acima da diagonal) e MRA2 (abaixo da diagonal) e multicaracterístico, MMC (entre parênteses e abaixo da diagonal)

<b>Característica</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P360</b>	<b>P480</b>
<b>P120</b>	-	0,57	0,39	0,38
<b>P240</b>	0,53 (0,51)	-	0,63	0,51
<b>P360</b>	0,39 (0,39)	0,56 (0,67)	-	0,70
<b>P480</b>	0,33 (0,34)	0,51 (0,56)	0,66 (0,72)	-

Estimativas de correlações genéticas aditivas direto-maternas para P120, P240, P360 e P480 para MRA1, MRA2 e MMC estão apresentadas na Tabela 13. As estimativas obtidas por MMC foram semelhantes às encontradas para MRA1 e MRA2 para P120, mas foram superiores para as demais idades avaliadas. Iwaisaki et al. (2005) obtiveram estimativas negativas de correlação para peso ao nascimento, à desmama e ao ano superiores quando utilizaram modelo multicaracterístico em comparação às obtidas usando MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B. Segundo estes autores, estimativas de correlações genéticas aditivas direto-maternas menos extremas obtidas com MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B comparadas às do modelo multicaracterístico devem ser mais realísticas, devido a um ajuste mais suave aos dados proporcionado pelos polinômios segmentados lineares do tipo B. As estimativas obtidas pelo MMC foram, de maneira geral, inferiores, em magnitude, às relatadas por Ferraz Filho et al. (2002) e Câmpelo et al. (2004) para a raça Tabapuã, que encontraram valores entre -0,20 e -0,40. Não foram encontrados na literatura estimativas deste parâmetro estimadas via MRA para a raça Tabapuã, mas para a raça Nelore, Nobre et al. (2003) relataram estimativas negativas que foram maiores que as encontradas neste trabalho.

De acordo com Nobre (2001), o sinal e a magnitude da correlação genética aditiva direto-materna para características de crescimento é crítica. Segundo Willham (1980) citado por Nobre (2001), a estimação dos efeitos genéticos aditivos maternos e de seus componentes de variância é inerentemente problemática devido a um possível confundimento entre os

efeitos genéticos aditivos diretos e maternos. Além disso, a expressão dos efeitos genéticos aditivos maternos é limitada por sexo, ocorrem tarde na vida das fêmeas e tem atraso de uma geração (Nobre, 2001).

Tabela 13 – Estimativas de correlações genéticas aditivas direto-maternas para os pesos aos 120, 240, 360 e 480 dias de idades, obtidas pelos modelos de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e multicaracterístico (MMC)

Característica	Modelos		
	MRA1	MRA2	MMC
<b>P120</b>	-0,24	-0,29	-0,28
<b>P240</b>	-0,13	-0,13	-0,20
<b>P360</b>	-0,02	-0,04	-0,14
<b>P480</b>	-0,05	0,01	-0,22

#### 4.0. Decomposição espectral das matrizes de (co) variâncias genéticas

Os dois primeiros autovetores genéticos aditivos diretos multiplicados pelas raízes quadradas dos autovalores correspondentes, para os modelos MRA2 e MMC, respectivamente, estão apresentados na Figura 6. A análise do comportamento dos autovetores permite se conhecer o perfil das variações predominantes para as curvas de crescimento dos animais na população de estudo. Além disso, segundo Kirkpatrick et al. (1990), os autovalores e autovetores de funções de covariância genética provêm uma noção de como a seleção afeta a característica sob estudo. Pode ser observado que MRA2 e MMC apresentaram comportamentos bem próximos com relação a seus autovetores e autovalores genéticos aditivos diretos, o que indica que ambos os modelos descreveram as variações da população de forma semelhante. Os dois primeiros autovalores de MRA2 foram responsáveis por 92,92% e 5,55% da variação genética aditiva direta total,

respectivamente; enquanto os dois primeiros de MMC foram responsáveis por 93,41% e 4,67%, respectivamente. Estes resultados corroboram os encontrados por Boligon et al. (2010) para a raça Nelore, que relataram que os dois primeiros autovalores foram responsáveis por 90,56% e 6,06%, respectivamente, da variação genética aditiva direta total. Esta marcante diferença de magnitude entre os dois autovalores indica que as variações apontadas pelo primeiro autovetor explicarão quase a totalidade da variação observada na população.

O primeiro autovetor de MRA2 é positivo ao longo de todo o período da curva de crescimento avaliado, com menores valores no início da curva. Isso mostra que animais com curvas acima da média não são tão superiores no início da curva de crescimento quanto eles serão em idades mais avançadas, o que reforça o modelo de variações no potencial de ganho entre os animais, sendo que as diferenças se acentuam quanto maiores forem as idades e o tempo para o animal manifestar seu maior potencial de ganho. Similarmente, animais com curvas abaixo da média não serão tão inferiores no início de suas vidas. Boligon et al. (2010) encontraram resultados semelhantes a este e afirmaram que isto indicaria que seleção para maior peso em qualquer idade aumentaria os pesos para as demais idades, porém, com intensidades diferentes.

O segundo autovetor é positivo para os primeiros 360 dias, tornando-se negativo dos 360 aos 600 dias. O comportamento deste, enquanto positivo, é crescente do nascimento aos 120 dias, estabiliza-se, com uma leve queda, dos 120 aos 240 dias e torna-se decrescente até os 360 dias. Enquanto negativo, o autovetor é decrescente dos 360 aos 600

dias. Boligon et al. (2010) encontraram resultado semelhante a este, com a diferença que a mudança de positivo para negativo aconteceu por volta dos 530 dias de idade. De acordo com estes autores, esta mudança indica que a seleção na direção deste componente terá efeitos opostos no início e no final da trajetória, no entanto, a mudança genética devido à seleção para este componente seria pequena porque este foi responsável por somente 5,55% da variância genética aditiva direta.

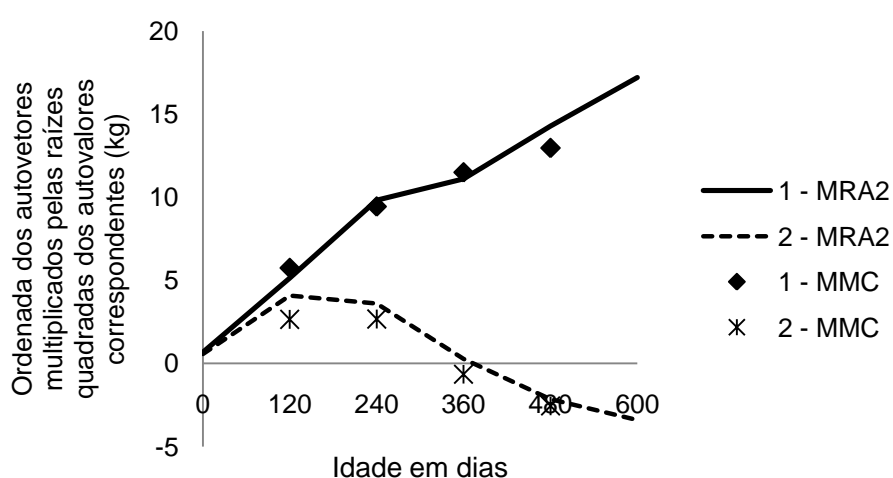


Figura 6 – Primeiros e segundos autovetores genéticos aditivos diretos multiplicados pelas raízes quadradas dos autovalores correspondentes, obtidos com MMC (1 – MMC e 2 – MMC) e MRA2 (1 – MRA2 e 2 – MRA2).

Os dois primeiros autovetores genéticos aditivos maternos multiplicados pelas raízes quadradas dos autovalores correspondentes, para os modelos MRA2 e MMC, respectivamente, estão apresentados na Figura 7. Observa-se que MRA2 e MMC apresentaram comportamentos bem próximos com relação a seus autovetores e autovalores genéticos aditivos maternos, o que indica que ambos os modelos descreveram as variações da população de forma semelhante. Os dois primeiros autovalores de MRA2 foram responsáveis por 89,74% e 6,88% da

variação genética aditiva materna total, respectivamente; enquanto os dois primeiros de MMC foram responsáveis por 90,05% e 7,55%, respectivamente.

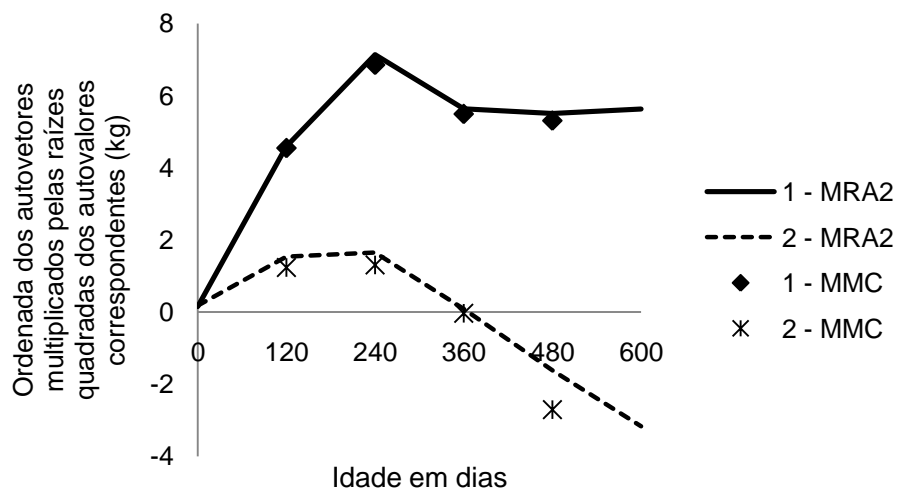


Figura 7 – Primeiros e segundos autovetores genéticos aditivos maternos multiplicados pelas raízes quadradas dos autovalores correspondentes, obtidos com MMC (1 – MMC e 2 – MMC) e MRA2 (1 – MRA2 e 2 – MRA2).

O primeiro autovetor de MRA2 é positivo ao longo de todo o período da curva de crescimento avaliado, indicando que a superioridade de vacas com mérito genético para proporcionar ambiente superior para sua progênie mantém-se ao longo do período avaliado. No entanto, observa-se um forte crescimento nos primeiros 120 dias, com uma leve desaceleração dos 120 aos 240 dias, uma queda dos 240 dias aos 360 dias, e, uma estabilização a partir dos 360 dias. Isto aponta que a variação entre os animais cresce até 240 dias, período este reconhecidamente ligado à habilidade materna, e depois, após cair um pouco, como uma espécie de compensatório, torna-se constante. Portanto, o uso de DEP's maternas para P120 e P240 é coerente,

justificando sua utilização como critério de seleção em programas de melhoramento de bovinos de corte.

O segundo autovetor é positivo para os primeiros 360 dias, tornando-se negativo dos 360 aos 600 dias. O comportamento deste, enquanto positivo, é crescente do nascimento aos 120 dias, estabiliza-se, com um leve crescimento, dos 120 aos 240 dias e torna-se decrescente até os 360 dias. Enquanto negativo, o autovetor é decrescente dos 360 aos 600 dias. A implicação deste resultado é análoga a dada para o segundo autovetor genético aditivo direto.

#### **5.0. Correlações entre valores genéticos preditos**

Nas Tabelas 14, 15 e 16 estão apresentadas as correlações de Pearson estimadas entre os valores genéticos aditivos diretos preditos pelos modelos MRA1, MRA2 e MMC, para touros (20 ou mais filhos), vacas (2 a 6 filhos) e produtos (menos de 2 anos de idade), respectivamente. As correlações entre os modelos para as três categorias animal consideradas foram de alta magnitude, sendo todas superiores a 0,90, indicando que a seleção baseada em valores genéticos aditivos diretos preditos para as características consideradas não sofreria grandes alterações independentemente do modelo utilizado. Este resultado é interessante, pois, confirma que os modelos apontam para a mesma direção. Resultados muito divergentes entre avaliações genéticas com uso de MRA ou modelo multicaracterístico seria indicativo que um dos modelos estaria muito errado. Normalmente, o que se espera em relação aos MRA é uma melhoria nas avaliações genéticas, mas não uma total

revolução na classificação genética dos animais, mesmo porque, o modelo multicaracterístico já demonstrou ser útil na identificação de animais geneticamente superiores, não obstante, sendo utilizado até hoje por vários programas de avaliação genética de bovinos de corte.

Robbins et al. (2005) e Sánchez et al. (2008), em trabalhos que aplicaram MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B no estudo de dados longitudinais de ponderal de bovinos da raça Gelbvieh, encontraram valores de correlação de Pearson entre valores genéticos aditivos diretos para peso ao nascimento, à desmama e ao ano, preditos por MRA e modelo multicaracterístico, superiores a 0,95. Robbins et al. (2005) comentaram que o reduzido número de registros de peso fora da faixa de idade utilizada para o modelo multicaracterístico poderia ser uma explicação para os altos valores de correlação encontrados e que, portanto, seria esperado que a inclusão de grandes quantidades de registros fora desta faixa resultaria na redução das correlações.

Tabela 14 – Correlações de Pearson entre valores genéticos aditivos diretos para peso aos 120 (P120), 240 (P240), 360 (P360) e 480 dias (P480), e, total maternal aos 240 dias (TM240), de 776 touros, avaliados por modelo de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e modelo multicaracterístico (MMC)

Característica	Contraste de Modelos		
	MMC x MRA1	MMC x MRA2	MRA1 x MRA2
<b>P120</b>	0,97	0,97	0,97
<b>P240</b>	0,97	0,96	0,97
<b>P360</b>	0,96	0,94	0,96
<b>P480</b>	0,96	0,93	0,95
<b>TM240</b>	0,98	0,96	0,97

Tabela 15 – Correlações de Pearson entre valores genéticos aditivos diretos para peso aos 120 (P120), 240 (P240), 360 (P360) e 480 dias (P480), e, total maternal aos 240 dias (TM240), de 16.982 vacas, avaliadas por modelo de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e modelo multicaracterístico (MMC)

Característica	Contraste de Modelos		
	MMC x MRA1	MMC x MRA2	MRA1 x MRA2
<b>P120</b>	0,97	0,97	0,97
<b>P240</b>	0,97	0,96	0,97
<b>P360</b>	0,96	0,95	0,97
<b>P480</b>	0,96	0,95	0,96
<b>TM240</b>	0,98	0,97	0,98

Tabela 16 – Correlações de Pearson entre valores genéticos aditivos diretos para peso aos 120 (P120), 240 (P240), 360 (P360) e 480 dias (P480), e, total maternal aos 240 dias (TM240), de 9.876 produtos, avaliadas por modelo de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e modelo multicaracterístico (MMC)

Característica	Contraste de Modelos		
	MMC x MRA1	MMC x MRA2	MRA1 x MRA2
<b>P120</b>	0,96	0,96	0,96
<b>P240</b>	0,96	0,94	0,95
<b>P360</b>	0,95	0,92	0,94
<b>P480</b>	0,95	0,91	0,93
<b>TM240</b>	0,97	0,94	0,95

Apesar das Tabelas 14, 15 e 16 apresentarem correlações de magnitude semelhantes, verifica-se que a Tabela 16, referente à categoria animal denominada produtos, apresentou correlações mais baixas entre os modelos mostrando que os animais desta categoria, possivelmente por terem menor número de informações, tiveram seus valores genéticos mais afetados ao se usar modelo que utiliza todos os registros de peso disponíveis. Este resultado seria esperado porque com MRA2 se utilizou todos os registros de peso disponíveis na faixa do 1<sup>o</sup> ao 600<sup>o</sup> dia de idade, sendo o volume de dados 67,43% superior ao utilizado em MRA1 e MMC. Este melhor e maior aproveitamento dos dados representa um dos mais interessantes atributos da metodologia da regressão aleatória, pois,

além de justificar os elevados investimentos em coleta de dados, pode promover acréscimos nas acurácias dos valores genéticos. Segundo Sánchez et al. (2008), seria esperado que este acréscimo nas acurácias mais importante para animais com menos informações, i.e. produtos. A Tabela 17 ilustra o melhor aproveitamento dos dados e, conseqüentemente, aumento da quantidade de informação por animal, ao apresentar o acréscimo no número de registros de peso das progênes de touros (20 ou mais filhos) e vacas (2 a 6 filhos) quando todos os registros de peso disponíveis são utilizados (MRA2) em relação ao total de registros de peso utilizados na análise multicaracterística.

Tabela 17 – Acréscimo no número de registros de peso das progênes de touros (20 ou mais filhos) e vacas (2 a 6 filhos) quando todos os registros de peso disponíveis são utilizados (MRA2) em relação ao total de registros de peso utilizados na análise multicaracterística

<b>Acréscimo*</b>	<b>Touros</b>	<b>Vacas</b>
<50%	69	4.003
≥50 e <100%	684	9.321
≥100%	23	3.658
<b>Total</b>	<b>776</b>	<b>16.982</b>

\* Acréscimo = acréscimo no número de registros de peso da progênie de touros e vacas devido à utilização de todos os dados disponíveis.

Se considerarmos o modelo MRA2 como mais correto em função do tratamento mais adequado dos dados e da maior quantidade de informação, e, utilizarmos a correlação dos valores genéticos como indicador da resposta correlacionada, podemos afirmar que os modelos atualmente adotados proporcionam eficiência na seleção até 7% menores na seleção de touros e até 9% menores na seleção de produtos do que é possível obter com MRA2.

Na Tabela 18 estão apresentadas a porcentagem de animais em comum, ganhos genéticos e razão de ganhos genéticos para os 100 melhores touros classificados de acordo com valor genético aditivo direto para P480 e o TM240 obtidos por MRA1, MRA2 e MMC. Porcentagens de animais em comum entre MMC e MRA2 foram menores do que as encontradas entre MMC e MRA1. Isso mostra que a adição de registros de peso, localizados fora da faixa de idade usada por modelo multicaracterístico, promove alteração significativa nos méritos genéticos preditos dos touros e, portanto, seu aproveitamento para a avaliação genética dos dados de ponderal em bovinos é relevante.

As porcentagens de animais em comum encontradas indicam, a princípio, que a classificação dos touros foi afetada consideravelmente pelo modelo de avaliação genética utilizado, no entanto, os altos valores de correlação de Pearson encontrados (Tabelas 14, 15 e 16) são indicativos de que a diferença de mérito genético entre os touros que entraram e saíram da relação dos 100 melhores, para os três modelos, é pequena (Tabela 18).

Tabela 18 – Porcentagem de animais em comum (PAC) e ganhos genéticos ( $\Delta G1$  e  $\Delta G2$ ) quando se selecionou os 100 melhores touros para valor genético aditivo direto para peso aos 480 dias (P480) e total maternal aos 240 dias (TM240), avaliados por modelo de regressão aleatória (MRA1 e MRA2) e modelo multicaracterístico (MMC)

Característica	Contraste de Modelos						
		MMC x MRA1		MMC x MRA2		MRA1 x MRA2	
P480	PAC	83%		78%		82%	
	$\Delta G1^1$	18,10	19,20	18,10	20,48	19,92	21,21
	$\Delta G2^2$	17,52	19,92	17,02	22,11	19,08	22,11
	$\Delta G1/\Delta G2$	1,03	0,96	1,06	0,93	1,04	0,96
TM240	PAC	90%		83%		85%	
	$\Delta G1$	10,27	10,98	10,27	11,45	11,12	11,53
	$\Delta G2$	10,10	11,12	9,86	11,93	10,82	11,93
	$\Delta G1/\Delta G2$	1,02	0,99	1,04	0,96	1,03	0,97

<sup>1</sup> na linha de  $\Delta G1$  se encontra os ganhos genéticos proporcionados pela seleção dos 100 melhores touros para o modelo 1, que é sempre aquele à esquerda no contraste de modelos, sendo que este ganho foi calculado usando os valores genéticos preditos para o modelo na respectiva coluna;

<sup>2</sup> na linha de  $\Delta G2$  se encontra os ganhos genéticos proporcionados pela seleção dos 100 melhores touros para o modelo 2, que é sempre aquele à direita no contraste de modelos, sendo que este ganho foi calculado usando os valores genéticos preditos para o modelo na respectiva coluna.

De maneira geral, as estimativas de componentes de (co) variância, parâmetros genéticos e valores genéticos foram similares para os MRA e MMC, especialmente entre MRA2 e MMC. MRA2 por utilizar todos os registros de peso disponíveis, e, portanto, explorando todo o potencial da metodologia de regressão aleatória, mostrou que MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B podem representar uma interessante opção na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos de corte. Além disso, como apontado por Sánchez et al. (2008), MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B permitem inclusão de registros de peso fora da faixa de idades padrão, o que não é o caso da abordagem multicaracterística, e ainda, não requerem qualquer tipo de pré-ajustamento para idades padrão, que segundo esses autores, pode

acarretar vieses nas predições de valores genéticos. Mais do que isso, quando há disponibilidade de dados, eles não apresentaram comportamentos estranhos e sem explicação biológica como é comum nos MRA com polinômios ordinários (e.g. polinômios ortogonais de Legendre). Isto, aliado a sua facilidade de implementação e propriedades numéricas desejáveis respalda a sua indicação para implementação imediata nas avaliações genéticas dos programas de melhoramento de bovinos de corte.

## **Conclusões**

As estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos estimados usando modelo de regressão aleatória com polinômios segmentados lineares do tipo B são biologicamente coerentes e semelhantes àqueles estimados por modelo multicaracterístico, especialmente quando se utiliza todos os dados disponíveis.

O uso de modelo de regressão aleatória com polinômios segmentados lineares do tipo B proporciona maiores benefícios para a avaliação genética de categorias animal com menor quantidade de informações como produtos e até mesmo vacas, podendo ser recomendado para a avaliação genética em bovinos de corte.

## Bibliografia

- ABCZ – Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. <http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/estatisticas.html>. Acessado em 31/05/2010.
- ABCZ – Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. <http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/cdp.html>. Acessado em 21/11/2009a.
- ABCZ – Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. <http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/sumarios.html>. Acessado em 21/11/2009b.
- ABIEC – Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne. <http://www.abiec.com.br/download/EXP%20JAN-DEZ%2009.pdf>. Acessado em 09/07/2010.
- ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- ALBUQUERQUE, L.G., EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.2, p. 238-246, 2008.
- ANCP – Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. **Sumário do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore – PMGRN/ Nelore Brasil**. <http://www.ancp.org.br>. Acessado em 21/11/2009.
- BIGNARDI, A.B. EL FARO, L. ALBUQUERQUE, L.G. et al. Modelos de regressão aleatória empregando funções B-splines para modelar a produção de leite de vacas da raça Holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 45., 2008, Lavras. **Anais...** Lavras: SBZ, 2008. (CD-ROM).
- BIGNARDI, A.B. **Modelos para estimação de componentes de (co) variância para produção de leite no dia do controle de vacas da raça Holandesa**. Jaboticabal, UNESP, 2010. 57p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, 2010.
- BOHMANOVA, J., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth. **Journal of Animal Science**, v.83, p.62-67, 2005.
- BOHMANOVA, J., MIGLIOR, F., JAMROZIK, J. et al. Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v.91, p.3627–3638, 2008.
- BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., RORATO, P.N. et al. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.596-601, 2008.
- BOLIGON, A.A., MERCADANTE, M.E.Z., FORNI, S., et al. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.

- CAMPÊLO, J.E.G., LOPES, P.S., TORRES, R.A. et al. Maternal effects on the genetic evaluation of Tabapuã beef cattle. **Genetic and Molecular Biology**, v.27, n.4, p. 517-521, 2004.
- CNPC – Conselho Nacional de Pecuária de Corte. <http://www.cnpc.org.br>. Acessado em 09/07/2010.
- DE BOOR, C. **A practical guide to splines**. Springer Series in Applied Mathematics, Springer Verlag, New York, 2<sup>nd</sup> ed., 2001.
- DEGROOT, B.J., KEOWN, J.F., VAN VLECK, L.D. et al. Estimates of genetic parameters for Holstein cows for test-day yield traits with a random regression cubic spline model. **Genetic and Molecular Research**, v.6, n.2, p. 434-444, 2007.
- DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G., TONHATI, H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.
- EILERS, P.H.C., MARX, B.D. **Splines, knots, and penalties**. [http://www.stat.lsu.edu/faculty/marx/splines\\_knots\\_penalties.pdf](http://www.stat.lsu.edu/faculty/marx/splines_knots_penalties.pdf), 2004. Acessado em setembro de 2009.
- FERRAZ FILHO, P.B., RAMOS, A.A., SILVA, L.O.C. et al. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p. 635-640, 2002.
- GODDARD, M.E., HAYES, B.J. Genomic selection. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.124, p.323-300, 2007.
- HENDERSON Jr., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, p.623-640, 1982.
- HUISMAN, A.E., VEERKAMP, R.F., VAN ARENDONK, J.A. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.575-582, 2002.
- IWAISAKI, H., TSURUTA, S., MISZTAL, I., et al. Genetic parameters estimated with multitrait and linear spline-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal of Animal Science**, v.83, p.757-763, 2005.
- JORGE JÚNIOR, J., DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G. Fatores de correção de escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, à desmama, para idade da vaca ao parto, data juliana de nascimento e idade à desmama em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p. 2044-2053, 2004.
- KACHMAN, S.D. Incorporation of Marker Scores into National Genetic Evaluation. In: PROCEEDINGS OF THE GENETIC PREDICTION WORKSHOP BEEF IMPROVEMENT FEDERATION, 9, Kansas City. **Anais...** Kansas City, p.92-98, 2008.
- KIRKPATRICK, M., HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.

- KIRKPATRICK, M., LOFSVOLD, D., BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.2, p. 979-993, 1990.
- LAIRD, N. M., WARE, J. H. Random effects models for longitudinal data. **Biometrics**, v.38, p.963-974, 1982.
- MALHADO, C.H.M., RAMOS, A.A., CARNEIRO, P.L.S. et al. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.2, p. 376-379, 2007.
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v.30, p.221– 240, 1998.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetic Selection Evolution**, v.37, p. 473–500, 2005a.
- MEYER, K. Advances in methodology for random regression analyses. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.45, p.847-858, 2005b.
- MISZTAL, I., 2001. <http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs>. Acessado em 25 de maio de 2010.
- MISZTAL, I., 2002. <http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs>. Acessado em 25 de maio de 2010.
- MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 123, p. 74-80, 2006.
- MUÑOZ-BERROCAL, M., TONHATI, H., CERÓN-MUÑOZ, M.F. et al. Uso de polinômios segmentados para o estudo da curva de lactação em búfalos Murrah e seus mestiços em sistema de criação extensivo, no estado de São Paulo. **Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal**, v.13, n.1, p.24-29, 2005.
- NOBRE, P.R.C. **Analyses of sequential weights of Nelore cattle using multiple trait and random regression models**. Viçosa, UFV, 2001. 137p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- NOBRE, P.R.C., MISZTAL, I., TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.
- NOBRE, P.R.C., ROSA, A.N., SILVA, L.O.C. Genetic evaluation for large data sets by random regression models in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.61, n.4., p.959-967, 2009.
- PAULSON, D.S. **Handbook of regression and modeling – Application for the clinical and pharmaceutical industries**. Chapman & Hall / CRC Biostatistics Series, 2007.
- PELICIONI, L.C., PASCOA, L., MUNIZ, C.M.S., et al. Efeito da idade da vaca ao parto e da data juliana de nascimento sobre características pré-desmama de bezerros da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p. 61-70, 2002.
- PELICIONI, L.C., ALBUQUERQUE, L.G., QUEIROZ, S.A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento

- aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.1, p.50-60, 2009.
- PMGZ – Programa de Melhoramento Genético dos Zebuínos. <http://www.pmgz.org.br>. Acessado em junho de 2010.
- RICE, J.R. **The approximation of functions**. Massachusetts, Addison-Wesley, vol.2, 1969.
- ROBBINS, K.R., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. A practical longitudinal model for evaluating growth in Gelbvieh cattle. **Journal of Animal Science**, v.83, p.29-33, 2005.
- SAKAGUTI, E. S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. Viçosa, UFV, 2000. 83p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- SÁNCHEZ, J.P., MISZTAL, I., AGUILAR, I. et al. Genetic evaluation of growth in a multibreed beef cattle population using random regression-linear spline models. **Journal of Animal Science**, v.86, p. 267-277, 2008.
- SANTORO, K.R., BARBOSA, S.B.P., SANTOS, E.S. et al. Uso de funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos Nelore criados no estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.2290-2297, 2005.
- SARMENTO, J. L. R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. Viçosa, UFV, 2007. 101p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2007.
- SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.0 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2002.
- SCHAEFFER L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, p.35-45. 2004.
- SCHAEFFER, L.R. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.218-223, 2006.
- SCHAEFFER L. R., JAMROZIK, J. Random regression models: a longitudinal perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 125, n.3, p. 145-146, 2008.
- SCHAEFFER L. R. Random regression models. **ANSC 6370 Course Notes – Animal Models**. Disponível em <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>. Acessado em 25 de novembro de 2009.
- SCHENKEL, F.S. **Utilização de polinômios segmentados na pesquisa zootécnica (considerações teóricas e práticas)**. Universidade Federal do Rio Grande do Sul – Faculdade de Agronomia – Departamento de Zootecnia, Seminário em Zootecnia, Porto Alegre-RS, 1989.
- SCHUMAKER, L.L. **Spline functions: basic theory**. Cambridge Mathematical Library, 3ª edição, 2007.
- SILVA, M.A., THIÉBAUT, J.T.L., VALENTE, B.D., et al. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. FEPMVZ Editora. Escola de Veterinária da UFMG. 375p. 2008.

- SILVESTRE, A. M., PETIM-BATISTA, F., COLACO, J. The accuracy of seven mathematical functions in modeling dairy cattle lactation curves based on test-day records from varying sampling schemes. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.1813–1821, 2006.
- SOUSA JÚNIOR, S.C.S., OLIVEIRA, S.M.P., ALBUQUERQUE, L.G., et al. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.5, p.1037-1045, 2010.
- SPIEDEL, S.E., ENNS, R.M., CREWS Jr., D.H. Genetic analysis of longitudinal data in beef cattle: a review. **Genetics and Molecular Research**, v.9, n.1, p. 19-33, 2010.
- THE MATHWORKS. **MATLAB: the language of technical computing**. Release 13 (MATLAB 6.5 Product Family. Match, 2002. Conjunto de programas. 3 CD-ROM, 2002.
- TORAL, F.L.B. **Avaliação do peso à desmama de bovinos cruzados Charolês-Zebu**. Viçosa, UFV, 2007. 130p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2007.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A. **Markov chain Monte Carlo methods for estimating the covariance structure of longitudinal data - an application to dairy cattle data**. Cornell, CU, 2001. 91p. Tese (PhD) – Cornell University, 2001.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A., SILVA, L.O.C. **Avaliações genéticas como suporte para decisões de acasalamento**. In: Curso de Melhoramento de Gado de Corte da Embrapa – Geneplus, 19, 2008, Campo Grande, MS. **Anais ... Campo Grande, 2008 (CD-ROM)**.
- WEGMAN, E.J., WRIGHT, I.W. Splines in statistics. **Journal of the American Statistical Association**, v.78, n.382, p. 351-365, 1983.
- WILLIAMS, J.L., GARRICK, D.J., SPEIDEL, S.E. Reducing bias in maintenance energy expected progeny difference by accounting for selection on weaning and yearling weights. **Journal of Animal Science**, v.87, p.1628-1637, 2009.
- WILLHAM, R.L. Problems in estimating maternal effects. **Livestock Production Science**, v.7, p.405-418, 1980.

# **ANEXO**

Tabela 1 – Média ( $\bar{X}$ ), desvio-padrão (DP), limite inferior (LI) e superior (LS) do intervalo HPD 95%, tamanho amostral efetivo (TAE), tamanho de cadeia independente (TCI) e autocorrelações com lag 1 (lag1), 10 (lag10) e 50 (lag50) para os componentes de (co) variância estimados pelo modelo multicaracterístico (MMC), para as idades de 120 a 480 dias de idade

Idades	$\bar{X}$	DP	LI	LS	TAE	TCI	lag1	lag10	lag50
<u>Efeito aleatório genético aditivo direto</u>									
120	44,14	3,63	36,96	51,23	170,10	123	0,96	0,69	0,16
120-240	58,51	5,13	48,64	68,75	148,90	123	0,96	0,70	0,22
120-360	63,16	5,88	51,70	74,72	131,30	133	0,96	0,71	0,27
120-480	69,27	6,97	56,46	83,52	68,10	381	0,97	0,74	0,34
240	98,64	8,72	81,93	115,90	117,10	147	0,97	0,73	0,32
240-360	107,44	9,54	87,97	125,60	126,90	129	0,96	0,72	0,30
240-480	114,86	11,29	92,46	137,00	44,70	860	0,97	0,76	0,39
360	134,21	12,05	111,40	158,50	75,60	383	0,97	0,76	0,38
360-480	149,71	14,26	123,30	178,60	35,30	898	0,97	0,78	0,44
480	175,67	19,15	139,50	214,70	13,00	2236	0,98	0,83	0,58
<u>Efeito aleatório genético aditivo direto-materno</u>									
120	-8,83	2,09	-13,08	-4,94	145,00	121	0,96	0,73	0,20
120-240	-12,45	3,31	-19,22	-6,34	103,90	169	0,97	0,77	0,33
120-360	-15,27	3,02	-21,15	-9,51	50,30	794	0,98	0,80	0,39
120-480	-16,95	3,82	-23,91	-9,42	59,50	289	0,98	0,86	0,53
240-120	-4,35	2,96	-9,73	1,50	131,30	130	0,96	0,73	0,24
240	-13,74	4,83	-22,64	-3,96	104,30	217	0,97	0,77	0,33
240-360	-16,85	4,62	-25,83	-7,82	55,30	366	0,98	0,83	0,48
240-480	-20,34	5,29	-31,90	-11,15	67,90	241	0,98	0,85	0,53
360-120	2,34	3,52	-4,30	9,35	87,90	332	0,97	0,75	0,33
360-240	-1,87	5,48	-13,05	8,28	94,10	193	0,97	0,77	0,39
360	-9,35	5,60	-20,85	1,19	23,30	925	0,98	0,86	0,59
360-480	-14,38	6,01	-26,23	-2,35	53,60	311	0,98	0,86	0,57
480-120	6,92	4,19	-1,14	14,88	84,10	229	0,97	0,77	0,37
480-240	3,94	6,66	-9,22	17,47	78,30	203	0,97	0,80	0,46
480-360	-5,57	6,02	-18,37	5,80	50,50	357	0,98	0,84	0,55
480	-17,13	7,45	-32,01	-2,39	45,90	363	0,98	0,88	0,62
<u>Efeito aleatório genético aditivo materno</u>									
120	23,40	2,05	19,53	27,47	156,20	127	0,96	0,73	0,19
120-240	31,93	2,90	26,26	37,87	153,00	146	0,96	0,73	0,20
120-360	24,68	2,51	19,91	29,62	109,50	173	0,97	0,78	0,30
120-480	20,93	3,06	15,30	27,03	67,60	211	0,98	0,85	0,51
240	49,50	5,07	40,19	59,90	48,50	799	0,97	0,80	0,36
240-360	37,06	4,13	29,41	45,30	92,40	176	0,98	0,81	0,40
240-480	32,86	4,93	23,60	42,71	63,50	221	0,98	0,87	0,55
360	31,24	3,70	24,78	38,93	83,50	174	0,98	0,84	0,45
360-480	28,85	4,24	21,42	37,19	65,90	197	0,99	0,88	0,56
480	35,57	6,25	23,08	47,48	40,60	327	0,99	0,92	0,70

Continuação Tabela 1...

Efeito aleatório de ambiente permanente materno

120	24,36	1,41	21,73	27,22	378,80	83	0,77	0,35	0,07
120-240	36,26	2,18	31,98	40,53	237,10	156	0,78	0,39	0,13
120-360	31,45	2,26	26,91	35,76	57,90	810	0,84	0,55	0,31
120-480	29,16	2,32	24,67	33,80	78,20	567	0,86	0,54	0,26
240	57,66	3,85	50,12	65,41	71,20	780	0,83	0,47	0,19
240-360	50,63	3,89	42,71	58,07	60,10	602	0,87	0,57	0,32
240-480	49,68	4,01	41,78	57,59	174,70	156	0,87	0,52	0,19
360	45,37	4,67	36,56	54,39	22,50	1253	0,92	0,74	0,54
360-480	44,57	4,28	35,85	52,74	58,20	567	0,91	0,64	0,36
480	46,34	4,73	37,03	55,51	121,30	185	0,92	0,63	0,29

Efeito aleatório residual

120	157,89	2,16	153,80	162,10	243,80	118	0,73	0,52	0,10
120-240	123,26	3,06	117,30	129,20	188,00	122	0,74	0,54	0,17
120-360	108,49	3,58	101,70	115,80	179,70	140	0,70	0,51	0,19
120-480	113,18	4,38	104,50	121,60	127,80	326	0,67	0,49	0,21
240	363,54	5,41	352,80	373,90	166,10	139	0,70	0,52	0,22
240-360	285,31	5,99	273,80	297,30	171,40	137	0,70	0,52	0,22
240-480	285,35	7,13	271,40	299,10	127,00	317	0,67	0,49	0,23
360	502,20	8,12	486,60	518,30	107,00	297	0,66	0,51	0,27
360-480	428,67	9,26	410,10	446,40	79,90	408	0,67	0,51	0,27
480	706,39	12,83	680,00	729,70	21,70	2237	0,65	0,53	0,35

Tabela 2 – Média ( $\bar{X}$ ), desvio-padrão (DP), limite inferior (LI) e superior (LS) do intervalo HPD 95%, tamanho amostral efetivo (TAE), tamanho de cadeia independente (TCI) e autocorrelações com lag 1 (lag1), 10 (lag10) e 50 (lag50) para os componentes de (co) variância estimados pelo modelo de regressão aleatória com mesmo número de registros de peso que MMC (MRA1), para as idades de 0, 120, 240, 360, 480 e 600 dias de idade

Idades	$\bar{X}$	DP	LI	LS	TAE	TCI	lag1	lag10	lag50
<u>Efeito aleatório genético aditivo direto</u>									
0	33,91	13,71	7,25	57,61	3,90	3679	1,00	0,99	0,93
0-120	3,12	6,32	-8,94	13,11	5,50	2240	1,00	0,97	0,89
0-240	1,89	14,87	-23,63	27,83	3,30	3460	1,00	0,99	0,95
0-360	12,21	16,96	-18,56	40,85	3,30	3335	1,00	0,99	0,95
0-480	22,61	21,84	-15,67	63,48	3,50	3369	1,00	0,99	0,95
0-600	15,04	4,29	7,64	23,25	15,90	1045	1,00	0,97	0,85
120	42,72	3,39	36,21	49,23	42,10	576	0,98	0,84	0,49
120-240	54,73	4,71	45,20	63,83	60,70	303	0,98	0,85	0,49
120-360	49,73	5,03	39,86	58,94	46,40	378	0,98	0,86	0,56
120-480	60,29	6,27	48,86	72,76	44,60	404	0,98	0,86	0,56
120-600	11,11	3,60	3,98	17,28	4,90	3635	1,00	0,96	0,85
240	103,04	9,05	85,94	121,60	47,00	500	0,99	0,88	0,58
240-360	99,45	8,34	83,80	116,60	73,60	259	0,98	0,85	0,50
240-480	117,95	11,36	95,88	140,00	12,80	2224	0,98	0,88	0,60
240-600	24,45	6,55	11,75	34,63	4,30	3463	1,00	0,97	0,87
360	121,39	9,93	102,50	141,10	65,50	265	0,98	0,86	0,52
360-480	149,38	12,54	122,00	172,10	32,60	947	0,98	0,86	0,54
360-600	37,98	5,76	26,35	48,61	6,80	3487	0,99	0,94	0,77
480	202,87	18,35	163,20	238,00	22,10	948	0,99	0,89	0,63
480-600	56,17	7,17	42,03	69,24	25,30	776	0,99	0,92	0,71
600	22,06	3,73	15,29	29,56	14,20	1108	1,00	0,96	0,82
<u>Efeito aleatório genético aditivo direto-materno</u>									
0	-27,22	14,68	-50,39	0,55	3,50	3618	1,00	0,99	0,95
0-120	1,34	4,25	-6,70	9,40	6,60	2299	1,00	0,97	0,89
0-240	-0,01	6,05	-10,46	11,28	6,10	2243	1,00	0,97	0,87
0-360	-4,55	7,22	-15,68	7,94	4,10	2629	1,00	0,98	0,93
0-480	-5,09	4,77	-13,50	3,86	6,80	2363	1,00	0,97	0,86
0-600	-18,57	16,99	-47,32	5,31	3,20	3638	1,00	0,99	0,94
120-0	-0,14	5,46	-10,06	12,01	6,60	2583	1,00	0,97	0,86
120	-7,45	2,30	-11,87	-3,29	26,60	637	0,99	0,89	0,62
120-240	-8,15	3,34	-14,75	-2,09	17,40	1724	0,99	0,89	0,59
120-360	-5,94	2,97	-11,71	-0,45	29,10	642	0,99	0,91	0,66
120-480	-11,21	4,40	-19,36	-3,02	7,90	3555	1,00	0,96	0,83
120-600	17,34	8,00	3,88	31,52	4,00	3504	1,00	0,97	0,90
240-0	4,96	11,08	-14,07	29,38	4,10	3451	1,00	0,98	0,91
240-120	-0,63	3,12	-6,65	5,67	37,50	647	0,98	0,88	0,57
240	-10,03	5,14	-20,08	0,03	54,80	292	0,99	0,89	0,61
240-360	-9,07	4,67	-17,95	-0,33	14,10	1979	0,99	0,92	0,69
240-480	-15,63	6,66	-28,52	-2,44	12,60	1576	0,99	0,95	0,81
240-600	31,21	13,64	9,77	56,36	3,90	3578	1,00	0,98	0,91

Continuação Tabela 2 ...

360-0	4,64	13,32	-20,62	31,15	4,10	3272	1,00	0,98	0,93
360-120	9,24	3,58	2,56	16,19	24,10	1222	0,99	0,88	0,59
360-240	9,24	5,51	-1,30	20,05	21,60	1089	0,98	0,89	0,61
360	-1,48	5,01	-10,98	8,05	13,80	2407	0,99	0,92	0,70
360-480	-8,24	6,40	-19,62	4,03	14,10	1599	0,99	0,94	0,77
360-600	30,21	14,21	5,62	56,19	4,20	3546	1,00	0,98	0,92
480-0	2,91	17,50	-30,22	36,25	3,90	3322	1,00	0,99	0,94
480-120	19,42	4,17	11,54	27,97	52,10	350	0,98	0,86	0,53
480-240	23,65	7,55	8,99	39,84	12,60	1714	0,99	0,90	0,66
480-360	11,90	7,00	-2,67	24,96	11,20	1664	0,99	0,93	0,74
480	-4,25	8,16	-21,60	8,99	10,60	1720	0,99	0,94	0,77
480-600	40,24	17,77	7,29	71,26	4,80	3038	1,00	0,98	0,92
600-0	-2,52	3,56	-8,96	4,03	11,40	1310	1,00	0,96	0,82
600-120	6,94	2,64	2,46	12,05	5,70	2672	0,99	0,95	0,83
600-240	9,15	4,07	1,73	17,14	8,60	2024	0,99	0,96	0,83
600-360	4,90	3,47	-1,98	11,55	6,50	3092	1,00	0,96	0,86
600-480	-0,65	4,27	-8,67	7,76	4,50	3604	1,00	0,97	0,90
600	1,68	8,16	-11,91	13,60	3,30	3690	1,00	0,99	0,94

Efeito aleatório genético aditivo materno

0	35,39	12,86	8,59	56,93	4,00	3492	1,00	0,99	0,94
0-120	6,51	2,65	0,81	11,66	21,10	691	0,99	0,93	0,73
0-240	12,65	3,64	5,77	19,54	23,60	1065	0,99	0,91	0,64
0-360	12,25	4,58	3,51	20,55	7,30	2621	1,00	0,96	0,83
0-480	7,69	4,20	-0,71	15,35	12,50	1569	1,00	0,96	0,82
0-600	23,58	11,70	5,86	46,76	4,70	3121	1,00	0,98	0,91
120	22,50	2,15	18,54	26,82	31,30	592	0,99	0,88	0,58
120-240	31,42	2,68	26,10	36,72	76,30	233	0,98	0,84	0,42
120-360	20,60	2,24	16,35	25,13	15,70	1676	0,98	0,88	0,57
120-480	17,00	2,69	12,01	22,27	19,60	755	0,99	0,92	0,71
120-600	17,75	4,17	8,93	25,15	7,20	2761	0,99	0,95	0,85
240	54,94	4,59	45,74	63,76	88,50	166	0,98	0,84	0,41
240-360	36,59	3,96	28,81	44,09	30,80	775	0,99	0,89	0,59
240-480	30,27	5,16	20,90	40,06	16,10	1632	0,99	0,94	0,75
240-600	25,08	6,61	12,13	36,56	14,20	971	0,99	0,95	0,83
360	32,10	4,78	23,65	41,04	8,20	2304	0,99	0,95	0,81
360-480	27,15	5,36	16,96	36,44	8,20	1852	1,00	0,96	0,85
360-600	23,34	7,23	6,82	34,42	5,60	2664	1,00	0,97	0,89
480	32,48	6,52	19,87	45,04	9,20	1891	1,00	0,97	0,86
480-600	22,34	8,14	4,42	37,04	7,50	2274	1,00	0,98	0,90
600	54,76	26,47	12,24	96,08	3,10	3752	1,00	0,99	0,95

Efeito aleatório de ambiente permanente direto

0	81,44	38,71	15,70	155,00	3,80	2889	1,00	0,99	0,97
0-120	-52,83	7,72	-70,77	-36,75	11,00	1498	0,99	0,92	0,79
0-240	-35,43	12,03	-58,41	-15,40	4,70	2687	0,99	0,95	0,87
0-360	23,95	17,77	-6,61	55,45	3,20	3364	0,99	0,97	0,93
0-480	21,19	17,45	-6,79	55,12	3,40	3424	0,99	0,96	0,90
0-600	65,20	76,70	-5,90	215,40	3,50	2884	1,00	0,99	0,98

Continuação Tabela 2 ...

120	92,40	3,77	85,54	99,88	16,90	1165	0,94	0,79	0,59
120-240	128,92	3,13	123,00	135,10	69,50	307	0,83	0,64	0,39
120-360	92,95	3,67	86,14	100,20	11,90	2702	0,89	0,72	0,48
120-480	105,22	4,15	97,21	113,30	80,50	510	0,86	0,59	0,32
120-600	61,92	14,35	43,34	91,61	6,70	1769	0,99	0,96	0,87
240	250,58	7,59	235,00	264,90	16,50	1371	0,91	0,79	0,62
240-360	215,81	5,34	205,40	226,20	85,30	277	0,84	0,64	0,39
240-480	202,84	6,50	190,30	215,60	36,00	990	0,86	0,65	0,38
240-600	137,68	33,48	77,47	188,50	3,10	3505	1,00	0,98	0,94
360	269,04	8,95	251,30	286,40	12,40	2144	0,91	0,80	0,63
360-480	295,52	8,59	278,50	312,00	15,20	1690	0,87	0,70	0,48
360-600	208,13	50,38	114,00	286,20	3,10	3532	1,00	0,99	0,96
480	380,40	12,37	357,60	405,10	51,10	625	0,89	0,71	0,47
480-600	260,46	62,58	143,90	358,00	3,10	3692	1,00	0,99	0,96
600	273,36	194,37	56,73	651,70	3,40	3308	1,00	0,99	0,98

Efeito aleatório de ambiente permanente materno

0	15,21	3,65	8,07	21,39	8,80	2306	0,99	0,92	0,81
0-120	-14,25	1,76	-17,63	-10,87	46,70	472	0,95	0,72	0,44
0-240	-16,10	2,29	-20,72	-11,99	45,10	466	0,95	0,73	0,48
0-360	-13,16	3,15	-19,64	-7,56	6,30	3807	0,98	0,88	0,76
0-480	-12,95	3,97	-19,29	-2,04	7,90	2671	0,99	0,93	0,82
0-600	51,96	23,17	5,88	98,40	5,10	3014	0,99	0,93	0,84
120	28,81	1,76	25,27	32,10	128,70	301	0,91	0,57	0,16
120-240	40,13	2,19	35,63	44,16	125,40	345	0,90	0,51	0,12
120-360	34,09	2,15	30,05	38,33	28,20	1471	0,92	0,61	0,27
120-480	29,49	2,71	24,22	34,83	34,90	713	0,96	0,78	0,51
120-600	60,10	12,59	36,04	84,05	26,30	1256	0,96	0,70	0,41
240	62,43	3,51	55,47	69,21	160,90	199	0,91	0,53	0,15
240-360	53,65	3,60	46,76	60,55	21,20	1837	0,93	0,66	0,36
240-480	45,53	4,82	36,01	54,75	17,30	1018	0,97	0,83	0,64
240-600	120,88	20,28	77,47	159,50	19,80	1190	0,96	0,73	0,50
360	48,55	4,86	38,93	58,08	9,50	1888	0,97	0,83	0,63
360-480	41,04	5,46	29,60	51,23	9,90	1767	0,98	0,88	0,73
360-600	108,06	24,63	61,82	156,70	4,90	3338	0,98	0,85	0,73
480	38,26	6,86	24,62	50,72	12,50	1258	0,99	0,92	0,78
480-600	68,06	28,04	22,51	132,70	4,80	3518	0,99	0,91	0,79
600	1002,30	233,25	558,40	1410,00	5,40	2971	0,99	0,92	0,83

Efeito aleatório residual

75-180	65,56	2,37	60,74	69,49	11,30	1221	0,93	0,86	0,73
181-300	71,57	3,00	65,95	78,27	20,10	793	0,90	0,76	0,62
301-420	94,32	4,08	85,85	102,50	7,50	2583	0,90	0,84	0,76
421-525	105,42	10,13	84,63	123,10	6,50	3020	0,96	0,90	0,81

Tabela 3 – Média ( $\bar{X}$ ), desvio-padrão (DP), limite inferior (LI) e superior (LS) do intervalo HPD 95%, tamanho amostral efetivo (TAE), tamanho de cadeia independente (TCI) e autocorrelações com lag 1 (lag1), 10 (lag10) e 50 (lag50) para os componentes de (co) variância estimados pelo modelo de regressão aleatória com todos os registros de peso disponíveis (MRA2), para as idades de 0, 120, 240, 360, 480 e 600 dias de idade

Idades	$\bar{X}$	DP	LI	LS	TAE	TCI	lag1	lag10	lag50
<u>Efeito aleatório genético aditivo direto</u>									
0	2,01	0,42	1,30	2,90	6,00	3725	1,00	0,97	0,90
0-120	7,05	0,85	5,46	8,85	33,80	515	0,99	0,90	0,67
0-240	7,70	1,16	5,41	9,93	25,10	653	0,99	0,90	0,64
0-360	6,94	1,36	4,39	9,93	16,70	1019	0,99	0,92	0,72
0-480	9,10	1,94	5,92	13,81	13,40	1419	0,99	0,93	0,76
0-600	10,04	2,69	5,27	16,15	13,30	1108	0,99	0,95	0,81
120	47,86	3,42	41,18	54,59	72,90	286	0,98	0,83	0,42
120-240	62,13	4,56	52,76	70,71	71,00	341	0,98	0,82	0,39
120-360	55,28	4,42	46,99	64,09	64,70	340	0,98	0,82	0,41
120-480	66,41	5,92	54,97	77,79	54,30	339	0,98	0,84	0,46
120-600	76,29	7,97	62,13	94,07	12,90	2207	0,98	0,87	0,56
240	112,05	8,20	96,07	127,60	63,40	343	0,98	0,85	0,47
240-360	111,74	7,82	96,95	127,10	60,30	356	0,98	0,84	0,44
240-480	130,91	9,26	113,30	149,60	53,60	367	0,98	0,83	0,43
240-600	156,79	13,44	131,30	184,70	14,20	1442	0,98	0,88	0,59
360	126,14	9,10	108,60	143,40	31,50	625	0,98	0,86	0,53
360-480	157,36	11,90	135,70	180,80	20,30	1183	0,98	0,87	0,56
360-600	187,91	15,52	157,50	218,40	15,40	1334	0,98	0,88	0,62
480	211,12	16,87	178,70	243,60	20,30	1191	0,98	0,88	0,59
480-600	250,35	20,21	213,00	291,40	18,80	1170	0,98	0,88	0,60
600	314,48	26,03	260,40	364,50	20,50	1213	0,98	0,89	0,62
<u>Efeito aleatório genético aditivo direto-materno</u>									
0	-0,45	0,30	-1,02	0,01	3,80	2869	1,00	0,98	0,93
0-120	-0,39	0,72	-1,68	0,87	17,60	703	0,99	0,95	0,79
0-240	0,33	1,12	-1,65	2,31	13,40	1604	0,99	0,95	0,82
0-360	-0,10	0,93	-1,72	1,71	8,20	1992	0,99	0,96	0,85
0-480	-0,60	0,86	-2,35	1,04	27,50	530	0,99	0,95	0,81
0-600	-1,62	1,05	-3,63	0,16	24,70	576	0,99	0,95	0,80
120-0	-1,53	0,80	-3,28	-0,16	12,50	1887	0,99	0,95	0,80
120	-10,20	2,15	-14,28	-6,06	36,10	656	0,98	0,86	0,51
120-240	-10,43	3,21	-16,59	-3,94	35,20	697	0,98	0,86	0,53
120-360	-7,70	2,94	-13,41	-2,14	15,00	1544	0,99	0,90	0,67
120-480	-8,32	3,60	-15,45	-1,60	36,00	439	0,99	0,93	0,73
120-600	-10,90	4,59	-19,79	-2,30	21,40	691	0,99	0,94	0,75
240-0	-0,17	1,44	-3,29	2,33	15,60	903	1,00	0,96	0,85
240-120	-3,18	2,84	-8,81	2,18	58,20	415	0,98	0,83	0,48
240	-10,45	4,72	-19,74	-1,56	60,70	292	0,98	0,86	0,54
240-360	-10,62	5,10	-20,49	-1,80	10,90	1496	0,99	0,93	0,75
240-480	-9,38	6,22	-21,58	1,92	13,30	1357	0,99	0,95	0,80
240-600	-17,35	8,73	-33,32	-1,47	11,10	1450	1,00	0,96	0,84

Continuação Tabela 3...

360-0	1,03	1,57	-2,27	4,12	12,50	1466	1,00	0,96	0,86
360-120	6,67	2,86	1,24	12,67	62,70	293	0,97	0,82	0,46
360-240	4,28	4,76	-4,91	13,62	23,40	1442	0,98	0,86	0,56
360	-2,19	5,27	-13,89	6,49	8,50	1612	0,99	0,93	0,77
360-480	-2,66	6,47	-16,71	7,29	9,70	1442	0,99	0,95	0,82
360-600	-9,97	8,31	-25,56	3,74	10,70	1500	0,99	0,95	0,83
480-0	1,95	2,01	-3,14	5,70	11,20	1583	1,00	0,96	0,86
480-120	14,94	3,99	7,36	23,88	56,50	296	0,98	0,84	0,51
480-240	18,99	5,74	6,64	30,23	68,20	280	0,98	0,83	0,49
480-360	7,21	5,80	-5,14	17,02	13,20	1413	0,99	0,90	0,71
480	0,62	7,59	-15,09	13,11	12,40	1408	0,99	0,94	0,79
480-600	-7,00	8,62	-22,41	7,52	21,00	718	0,99	0,93	0,75
600-0	2,49	2,24	-2,20	7,40	18,40	644	0,99	0,95	0,83
600-120	21,56	4,81	12,30	31,48	51,00	369	0,98	0,83	0,51
600-240	27,15	7,15	13,15	41,29	34,30	984	0,98	0,84	0,51
600-360	14,97	7,58	0,06	29,55	12,60	1473	0,99	0,91	0,72
600-480	9,14	9,06	-8,64	26,11	14,90	1371	0,99	0,93	0,76
600	-12,59	11,92	-33,54	10,20	20,00	700	0,99	0,94	0,79

Efeito aleatório genético aditivo materno

0	1,28	0,37	0,56	2,05	5,00	2901	1,00	0,98	0,92
0-120	1,61	0,67	0,40	2,86	18,30	709	0,99	0,95	0,81
0-240	0,84	0,90	-0,82	2,69	23,20	664	0,99	0,95	0,78
0-360	0,55	0,90	-1,04	2,13	14,30	913	1,00	0,97	0,86
0-480	0,66	1,05	-1,31	2,64	12,80	1079	1,00	0,97	0,87
0-600	0,52	1,26	-1,71	3,45	14,30	1030	1,00	0,97	0,87
120	25,69	2,47	20,85	30,66	18,00	1173	0,99	0,89	0,60
120-240	34,27	3,07	28,11	40,01	21,80	1561	0,98	0,86	0,51
120-360	24,70	2,70	19,51	30,06	15,10	1560	0,99	0,90	0,63
120-480	23,08	2,94	17,28	28,46	37,10	559	0,99	0,91	0,66
120-600	21,93	3,53	15,71	28,93	31,60	565	0,99	0,92	0,68
240	54,57	4,58	45,51	63,66	88,60	152	0,98	0,86	0,48
240-360	40,45	4,10	32,73	48,73	19,00	1631	0,99	0,90	0,61
240-480	35,87	4,63	27,62	44,58	14,10	1646	0,99	0,92	0,69
240-600	35,65	5,31	25,53	46,00	31,90	595	0,99	0,93	0,67
360	33,14	4,10	25,79	41,36	12,60	1615	0,99	0,93	0,72
360-480	30,94	4,41	23,48	39,35	11,40	1626	0,99	0,94	0,76
360-600	30,16	4,49	21,08	38,79	26,70	646	0,99	0,93	0,69
480	34,85	4,95	25,89	43,91	28,40	617	0,99	0,95	0,76
480-600	33,31	5,29	22,02	43,40	23,00	650	0,99	0,95	0,75
600	46,62	9,07	28,13	65,76	9,90	1666	1,00	0,97	0,86

Efeito aleatório de ambiente permanente direto

0	0,93	0,12	0,74	1,21	17,70	742	0,99	0,93	0,81
0-120	5,53	0,63	4,24	6,65	11,60	1475	0,98	0,92	0,81
0-240	6,55	0,73	5,01	7,92	7,90	2644	0,98	0,91	0,76
0-360	8,59	0,72	7,14	9,93	11,00	2056	0,97	0,87	0,69
0-480	13,92	1,06	11,72	15,89	10,40	2004	0,97	0,87	0,69
0-600	20,06	1,68	16,76	22,97	5,20	2986	0,98	0,91	0,81

Continuação Tabela 3...

120	88,31	2,13	84,17	92,55	66,90	498	0,85	0,63	0,30
120-240	116,78	2,69	111,90	122,60	94,90	322	0,84	0,65	0,32
120-360	97,44	2,74	92,07	102,80	71,60	493	0,85	0,66	0,32
120-480	99,13	3,82	91,96	106,70	66,80	345	0,86	0,68	0,37
120-600	110,25	5,13	100,30	119,80	21,20	1747	0,86	0,65	0,38
240	199,58	4,53	191,40	209,20	88,90	319	0,85	0,66	0,36
240-360	201,39	4,65	192,20	210,40	80,70	340	0,84	0,64	0,34
240-480	223,43	5,89	211,80	234,70	69,20	338	0,85	0,66	0,36
240-600	218,37	7,69	203,30	233,20	45,70	622	0,86	0,66	0,38
360	251,27	5,87	239,70	262,70	25,60	1162	0,86	0,68	0,43
360-480	325,39	7,41	310,60	339,70	25,90	1157	0,84	0,67	0,41
360-600	348,21	10,22	329,20	367,90	13,70	1435	0,88	0,74	0,54
480	469,60	10,50	447,90	489,10	25,60	1122	0,83	0,67	0,43
480-600	549,75	12,29	525,70	573,30	32,80	1054	0,81	0,63	0,39
600	734,58	21,72	691,20	774,30	24,10	1204	0,88	0,72	0,52

Efeito aleatório de ambiente permanente materno

0	0,48	0,10	0,29	0,68	11,70	1653	0,99	0,92	0,76
0-120	2,76	0,39	1,99	3,53	38,50	407	0,97	0,84	0,62
0-240	3,30	0,60	2,22	4,51	32,10	463	0,98	0,87	0,68
0-360	2,56	0,62	1,47	3,78	24,70	614	0,98	0,91	0,74
0-480	2,39	0,72	1,12	3,80	8,50	2868	0,99	0,93	0,80
0-600	2,40	0,62	1,17	3,57	29,30	696	0,98	0,88	0,67
120	25,75	1,51	22,98	28,75	34,70	1527	0,91	0,60	0,30
120-240	38,46	2,04	34,50	42,31	182,60	104	0,89	0,54	0,22
120-360	32,36	2,05	28,45	36,33	31,10	1350	0,92	0,64	0,37
120-480	29,05	2,36	24,69	33,75	36,90	698	0,95	0,75	0,50
120-600	31,77	3,00	25,82	37,52	40,10	745	0,96	0,76	0,47
240	63,26	3,40	56,65	69,71	162,90	116	0,90	0,55	0,25
240-360	55,41	3,20	49,27	61,62	146,00	129	0,91	0,57	0,27
240-480	49,47	3,80	42,86	57,47	22,40	1346	0,95	0,73	0,48
240-600	53,66	4,75	44,85	63,11	84,30	331	0,95	0,75	0,43
360	50,64	3,28	44,54	57,26	124,00	150	0,93	0,63	0,32
360-480	46,43	3,82	39,48	53,84	51,00	684	0,95	0,74	0,45
360-600	50,43	4,91	41,11	59,87	43,50	722	0,96	0,78	0,48
480	44,98	5,16	36,29	55,23	18,10	1357	0,98	0,85	0,62
480-600	49,44	5,48	39,27	60,24	65,60	331	0,97	0,81	0,50
600	61,24	8,77	44,70	79,28	17,10	1526	0,98	0,87	0,63

Efeito aleatório residual

0-60	36,40	0,41	35,64	37,23	31,70	2677	0,22	0,20	0,17
61-180	64,66	0,57	63,59	65,78	277,70	318	0,26	0,08	0,05
181-300	119,93	0,99	118,00	121,80	916,00	93	0,15	0,09	0,05
301-420	154,60	1,31	152,30	157,40	3207,50	17	0,09	0,03	0,03
421-540	125,72	1,79	122,20	129,20	200,60	351	0,29	0,17	0,12
541-600	122,93	7,16	108,90	137,00	21,80	1239	0,82	0,61	0,48