

BRUNO BASTOS TEIXEIRA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO EM BOVINOS
DA RAÇA NELORE POR MEIO DE MODELOS
MULTICARACTERÍSTICOS E DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2015

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

Teixeira, Bruno Bastos, 1984-
T266a Avaliação genética do crescimento em bovinos da raça
2015 nelore por meio de modelos multicaracterísticos e de regressão
 aleatória / Bruno Bastos Teixeira. – Viçosa, MG, 2015.
 ix, 53f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.49-53.

1. Nelore (Bovino). 2. Bovino - Crescimento. 3. Parâmetros
genéticos. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de
Zootecnia. Programa de Pós-graduação em Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 636.29

BRUNO BASTOS TEIXEIRA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRASCIMENTO EM BOVINOS
DA RAÇA NELORE POR MEIO DE MODELOS
MULTICARACTERÍSTICOS E DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA**

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

APROVADA: 15 de maio de 2015.

Moysés Nascimento

Gustavo Henrique de Souza

Fabyano Fonseca e Silva

Antônio Policarpo Souza Carneiro
(coorientador)

Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

“Dedico a Deus pelo dom da vida
e por tudo que sou. Aos meus pais
Hipólito e Maria do Carmo e ao meu
irmão por todo amor, carinho,
dedicação e que sempre fazem dos
meus sonhos os seus”

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo dom da vida e da sabedoria, que sempre me amparou nos momentos mais difíceis.

À Universidade Federal de Viçosa, especialmente aos professores e funcionários do Departamento de Zootecnia e ao programa de mestrado em Zootecnia, que permitiram e tanto contribuíram para a execução desse trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pela ajuda financeira para a realização desse trabalho.

Aos meus pais pelos ensinamentos, amor incondicional e por toda a essência que sou. Por me ensinarem o caminho do bem, e se manterem vigilantes, me protegendo e me enchendo de carinhos.

Ao meu irmão Rafael, por fazer valer a pena cada degrau que alcanço em minha vida e pelo carinho e amor que deposita em mim.

Ao professor Robledo de Almeida Torres pela orientação, incentivo, ensinamentos, amizade e que faz despertar em seus orientados a arte de ensinar.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides (Bajá) pelos conselhos, risos, críticas e sugestões para a execução desse trabalho.

Aos professores Antônio Policarpo de Souza Carneiro, Fabyano Fonseca e Silva, Gustavo Henrique e Moyses Nascimento pelas sugestões e críticas.

A todos os amigos que fizeram parte da minha vida, em especial a Lucas, Samuel, Ruy Neto, André e Rodrigo.

Aos amigos do Programa de Melhoramento Animal, em especial ao, Rodrigo (Batata), Luciano, Felipe, Rodrigo, Giovani e Rafael que contribuíram muito com críticas e sugestões.

Agradeço a Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) e ao seu presidente o professor Raysildo Barbosa Lôbo, que gentilmente contribuíram com o banco de dados utilizados nessa pesquisa.

E a todos que direta ou indiretamente, contribuíram para a realização desse trabalho.

Sou imensamente grato.

BIOGRAFIA

Bruno Bastos Teixeira, filho de Maria do Carmo Bastos Teixeira e Hipólito Cassiano Teixeira, nasceu em Viçosa, estado das Minas Gerais, no dia sete de janeiro de 1984.

Em março de 2005, iniciou o Curso de Zootecnia pela Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), onde fez estágios na área de melhoramento genético animal e nutrição. Também foi bolsista de iniciação científica no Departamento de Zootecnia, sob a orientação dos professores Aldrin Vieira Pires e Édson José Fazani, desenvolvendo pesquisas junto à área de melhoramento animal e nutrição de monogástricos.

Em dezembro de 2009 obteve o título de bacharel em Zootecnista pela UFVJM e em março de 2010, ingressou-se no programa de Mestrado em Zootecnia, da Universidade Federal de Viçosa, sob a orientação do professor Ricardo Frederico Euclydes, realizando seus estudos na área de melhoramento genético animal.

No dia 22 de julho de 2011, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação e obteve o título de *Magister Scientiae*. Em agosto de 2011, iniciou o Doutorado em Zootecnia, pela UFV e em julho de 2014 submeteu-se ao exame de qualificação.

Em 15 de maio de 2015, submeteu-se aos exames finais de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Zootecnia.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
INTRODUÇÃO	1
REVISÃO DE LITERATURA	3
MATERIAL E MÉTODOS	15
RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
CONCLUSÕES	48
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	49

RESUMO

TEIXEIRA, Bruno Bastos, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2015. **Avaliação genética do crescimento em bovinos da raça nelore por meio de modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientador: Antônio Policarpo Souza Carneiro.

Objetivou-se, com o presente trabalho estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos obtidos por modelos de regressão aleatória (MRA) via polinômios ortogonais de Legendre e compará-los a modelos multicaracterísticos; e comparar o MRA de melhor ajuste (via polinômio ortogonal de Legendre), com funções ajustadas por modelos B-spline com segmentos lineares, quadráticos ou cúbicos. Foram avaliados registros de peso dos 60º a 499º dias de idade de bovinos da raça Nelore nascidos entre 2005 e 2012. Os dados para as análises multicaracterísticas foram compostos por pesos ajustados aos 120 (P_{120}), 210 (P_{210}), 365 (P_{365}) e 450 (P_{450}) dias de idade, já para os MRA continha os mesmo dados porém não ajustados. A estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Foram testados 12 diferentes MRA, utilizando-se de polinômios ortogonais de Legendre, de ordens dois (linear), três (quadrático) ou quatro (cúbico). Da mesma forma, para as funções B-spline, polinômios lineares (L), quadráticos (Q) e cúbicos (C), foram testados, porém variando o número de nós. Os critérios de informação de Akaike (AIC), informação bayesiano de Schwarz (BIC), valores do logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$) e teste da razão de verossimilhança (LRT) foram utilizados para a escolha do melhor modelo. O modelo (6) - Leg34444 com ordem 3 para o efeito fixo e 4 para os efeitos aleatórios (aditiva direta, materna e ambiente permanente direto e materno) ajustado pelo polinômios de legendre apresentou um menor número de parâmetros, maior valor de $\text{Log}_e L$ e menor de AIC e BIC. As estimativas de variância genética aditiva direta do animal (σ_{ga}^2), variância genética aditiva materna (σ_{gam}^2), variância de ambiente permanente materno (σ_{pm}^2), variância de ambiente permanente direto (σ_{pd}^2), variância fenotípica (σ_f^2) e variância residual composta (σ_{rc}^2) obtidas pelos modelos multicaracterístico e MRA (modelo 6-ajustado por polinômios de Legendre), apresentaram tendências semelhantes para o peso ao longo da curva de crescimento. No entanto, as estimativas mais acuradas foram obtidas via MRA. Em relação as estimativas de herdabilidades direta (h^2_d), de maneira geral, foram semelhantes e variaram de 0,09 a 0,28 e 0,15 a 0,39 para os modelos multicaracterístico e o MRA. De mesmo modo, as herdabilidades materna (h^2_m) foram similares, porém de baixa magnitude, com estimativas que variaram de 0,01 a 0,03 e 0,08 a 0,11 para os modelos

multicaracterístico e o MRA. A função B-spline do modelo A1- BSL33322 (CL4) sendo linear, ordem 3 para os coeficientes de regressão fixos, aleatórios genético aditivo e materno e ordem 2 para os coeficiente de regressão aleatória de ambiente permanente direto e materno, com quatro classes de variância residual (CL4) e 27 parâmetros, propiciou melhor ajuste em relação ao polinômio de Legendre de modelo 6 - Leg34444 (CL4), que continha com 43 parâmetros. As estimativas de (co)variância e parâmetros genéticos estimadas tanto para MRA (ajustada por polinômios de Legendre) quanto para os modelos multicacterístico foram biologicamente semelhantes. No entanto, o modelo com função polinomial de Legendre de ordem três para os efeitos fixos e quatro para os efeitos aleatórios foi o que apresentou as melhores acurácias para os parâmetros avaliados. O uso de uma função B-Spline linear com coeficientes de regressão de ordem três para os (efeitos fixos, aleatórios genético aditivo e materno) com três nós e ordem dois para os (efeitos aleatórios de ambiente permanente direto e materno) com dois nós no extremo da curva, proporcionaram um melhor ajuste no modelo em comparação com o modelo ajustado com polinômios ortogonais de Legendre.

ABSTRACT

TEIXEIRA, Bruno Bastos, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, may of 2015. **Genetic evaluation of growth in Nellore beef cattle via multi-trait and random regression models.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-adviser: Antônio Policarpo Souza Carneiro.

The objective of the present study was to estimate (co)variance components and genetic parameters for weight records (WR) using an orthogonal Legendre polynomials random regression model (MRA) and to compare with multi-trait models adjusted for weight records at 120 (P_{120}), 210 (P_{210}), 365 (P_{365}) and 450 (P_{450}) days old, and to compare the MRA best-fitting model with B-spline models fitted by different orders of segment (linear, quadratic or cubic). We provided weight records from 60 to 499 days old from Nellore cattle born between 2005 and 2012. WR for multi-trait analyses were adjusted at 120 (P_{120}), 210 (P_{210}), 365 (P_{365}) and 450 (P_{450}) days old, whereas the original WR was used in the MRA. The estimation of (co)variance and genetic parameters were performed by the REML. Twelve (12) different MRA using orthogonal Legendre polynomials were fitted (linear, quadratic or cubic) as well as via B-spline function, linear (L), quadratic (Q), and cubic (C) polynomials were fitted differing from the number of nodes assumed in each model. Akaike information criterion (AIC), Bayesian information criterion of Schwarz (BIC), logarithm values of the likelihood function ($\text{Log}_e L$) and the likelihood ratio test (LRT) were used for model choice. The model (6) - Leg34444 with order 3 for the fixed effect and 4 for the random effects (direct additive, maternal and direct permanent environmental and maternal) adjusted by the Legendre polynomials had a small number of parameters, higher value $\text{Log}_e L$ and lower AIC and BIC values. Estimates of direct additive genetic variance of the animal (σ_{gad}^2), maternal direct additive genetic variance (σ_{gam}^2), maternal permanent environmental variance (σ_{pm}^2), direct permanent environmental variance (σ_{pd}^2), phenotypic variance (σ_f^2) and composed residual variance (σ_{rc}^2) obtained by multi-trait models and MRA (model-6 adjusted for Legendre polynomials) were similar along the growth curve. However, MRA presented higher accuracy compared to multi-trait models. The estimates of direct heritability (h_d^2) were, in general, similar for both models (range 0.09-0.28 and 0.15-0.39) for multi-trait and MRA, respectively. The maternal heritability (h_m^2) were low magnitude and showed the same trend, with estimates ranging from (0.01 to 0.03) and (0.08 to 0.11) for multi-trait and MRA. The B-spline model function A1-BSL33322 (CL₄) being linear, order 3 for fixed regression coefficients, random genetic and maternal and order 2 for the random regression coefficient of direct and maternal permanent environment, with four classes of residual variance (CL₄) and 27 parameters, provided better fit compared to

the Legendre polynomial model 6-Leg34444 (CL₄), which contained 43 parameters. Covariance and genetic parameters estimates for MRA (adjusted for Legendre polynomials) and multi-trait models presented the same behavior along the growth curve. However, the model assuming Legendre polynomials of order three for the fixed and four for random effects showed higher accuracies. The use of a B-Spline Linear function of order three for fixed effects, random genetic animal and maternal with three nodes and order two for direct and maternal permanent environmental effects with two nodes best fit in comparison with Legendre polynomials orthogonal models.

1.0 INTRODUÇÃO

Atualmente, o Brasil tem um rebanho bovino estimado em 190 milhões de cabeças e ocupa uma posição de destaque na produção e exportação de carne bovina, sendo o segundo maior produtor, com produção de 9,77 milhões de toneladas de carne em 2014, atrás apenas dos Estados Unidos (ABIEC, 2015).

Cerca de 80% do rebanho é composto por animais de raças zebuínas (*Bos indicus*), animais de comprovada rusticidade e adaptação ao ambiente predominante no Brasil. Dentre as principais raças, podemos destacar a Nelore com 90% de toda a população Zebuína no país (ABCZ, 2015). Nota-se, que para enfrentar a crescente competitividade dos mercados interno e externo, o melhoramento genético tem exercido um papel fundamental nos rebanhos na busca por melhores índices zootécnicos e aprimoramento da qualidade da carne, fator determinante na decisão de compra de um consumidor cada vez mais consciente e exigente.

Os programas de avaliação genética de bovinos de corte no Brasil, normalmente contemplam, além de outras, características de crescimento (Alencar, 2002). Observa-se, que a seleção para pesos em animais jovens pode resultar em aumento no tamanho corporal, sendo que a eficácia de um programa de melhoramento depende da acurácia da avaliação genética à qual os indivíduos são submetidos. Dessa forma, é imprescindível o desenvolvimento de modelos mais adequados para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis, com o objetivo de classificar os melhores indivíduos (Boligon et al., 2010; Gonçalves, et al., 2011 e Laureano et al., 2011).

Segundo Perotto et al. (2000), para se obter estimativas de componentes de (co)variância mais confiáveis e melhores respostas à seleção é importante que se considere a produção e a genealogia das fêmeas e que cada efeito seja devidamente estimado (efeito genético aditivo direto do animal, efeito genético aditivo materno e efeito de ambiente permanente direto e materno).

Em bovinos de corte, as características de crescimento podem ser mensuradas em um mesmo animal repetidas vezes ao longo de sua vida. Observa-se que, tradicionalmente, nos programas de melhoramento genético animal a estimação dos componentes de variância é feita utilizando modelos multicaracterísticas (Arango et al., 2002). Nesses modelos, normalmente os pesos são ajustados em determinadas idades padrão e são formadas classes arbitrárias de idades, como por exemplo ao nascimento, desmame, ano e idade adulta, assumindo que os pesos ajustados em diferentes idades representam diferentes características. Neste tipo de ajuste nenhuma pressuposição é feita sobre a estrutura de covariâncias.

Os modelos de regressão aleatória (MRA) são uma alternativa para a modelagem de características que são mensuradas repetidas vezes na vida do animal, e que mudam gradual e continuamente ao longo do tempo (Schaeffer, 2004). A aplicação dos MRA para características de crescimento em bovinos de corte permitem estimar e prever parâmetros e valores genéticos para quaisquer idade desejada, mesmo para idades que não tenha sido mensurada no animal.

Com a utilização desses modelos, não há necessidade de se criar classes de idades ou de utilizar fatores de ajuste para idade, além disso, esses modelos permitem utilização eficiente de toda a informação disponível de cada animal, já que, todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para a avaliação genética, com potencial aumento da acurácia das estimativas (Meyer, 2004).

Observa-se, também, que a utilização de MRA permite considerar mudanças na média e variâncias da característica ao longo do tempo, assim como, estimar a covariância entre qualquer par de pontos na trajetória por meio das denominadas funções de covariância. Segundo Silva et al. (2012), as funções de covariância são funções contínuas que permitem estimar as variâncias e covariâncias de uma característica medida em diferentes pontos de uma trajetória. Os MRA podem ser considerados um caso especial das funções de covariância (Meyer, 2005a).

Dias et al. (2005), resumiram as vantagens das funções de covariâncias relatando que as mesmas permitem modelar, de forma acurada, a estrutura de covariâncias das características estudadas, prever as estruturas de covariâncias em qualquer ponto de uma escala contínua de tempo, dar maior flexibilidade na utilização de medidas de peso do animal tomadas em qualquer momento ao longo da vida, sem necessidade de corrigi-las para idades padrão, e analisar padrões de covariância associados a determinadas alterações da característica ao longo da trajetória.

Segundo (Meyer, 2005a e Silva et al., 2013), os polinômios ortogonais são os mais adequados para estimar funções de covariância em estudos de crescimento, sendo que dentre os vários tipos de polinômios o de Legendre é o mais comumente utilizado, justificado pela vantagem computacional de reduzir a correlação entre os coeficientes de regressão estimados.

Atualmente, o uso dos polinômios segmentados do tipo B conhecidos também como “funções B-Spline” têm surgido como funções alternativas em relação aos polinômios ortogonais de Legendre, para modelagem de algumas funções biológicas, como as de crescimento. As funções “Spline” podem ser modeladas de várias formas de acordo com os “nós”, e dependendo da escolha, elas podem proporcionar uma interpretação biológica simples.

No contexto dos MRA, as funções “spline” têm sido utilizadas em programas de melhoramento animal para ajustar a curva de lactação de vacas leiteiras (Verkamp et al., 1999

e Varona et al., 1997). Em gado de corte, foi aplicada para descrever a variação genética do crescimento, do nascimento até os 820 dias de idade (Meyer, 2005b), do nascimento até um ano de idade (Iwaisaki et al., 2005) e de um ano e meio até os sete em vacas da raça Angus (Meyer, 2005c).

De acordo com Meyer (2004), mediante o uso das funções “Spline” em MRA é possível ajustar polinômios de baixo grau em segmentos curtos para a trajetória de crescimento e com isso, ser mais flexível no ajuste das flutuações estacionais do crescimento em bovinos. De acordo com Schaeffer (2004), possivelmente, maior benefício será obtido do emprego das funções “spline” para modelar características de crescimento em gado de corte em comparação à sua implementação para modelar a curva de produção de leite em bovinos leiteiros.

Dessa forma, o objetivo desse estudo foi avaliar diferentes ordens de efeitos fixos e aleatórios em MRA, utilizando polinômios ortogonais de Legendre, afim de verificar qual o modelo de melhor ajuste para o peso ao longo da trajetória de crescimento; estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos obtidos por MRA, via polinômios ortogonais de Legendre e compará-los, via modelo multicaracterísticos com pesos ajustados aos 120 (P_{120}), 210 (P_{210}), 365 (P_{365}) e 450 (P_{450}) dias de idade; comparar o modelo de regressão aleatória, de melhor ajuste (via polinômio ortogonal de Legendre), com funções ajustadas por modelos B-spline com segmentos linear, quadrático ou cúbico.

2.0 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 História da raça Nelore e a produção de carne no Brasil

A história da raça Ongole, ou Nelore, como é conhecida no Brasil, começa mil anos antes da era cristã, quando os arianos levaram os animais para o continente indiano. O seu nome é de um distrito da antiga Província de Madras, estado de Andra, situada na costa oriental da Índia, onde foram embarcados os primeiros animais para o Brasil.

A trajetória que transformou o Ongole indiano no Nelore brasileiro começa na primeira metade do século XIX, de quando datam os primeiros registros de desembarque no país de zebuínos originários da Índia.

Na história, verifica-se, que a primeira aparição do Nelore no país teria ocorrido em 1868 quando um navio, que se destinava à Inglaterra, ancorou em Salvador com um casal de animais da raça a bordo, aonde os animais teriam sido comercializados, permanecendo no país.

Já em outubro de 1878, Manoel Ubelhart Lembgruber, em busca de animais exóticos para trazer ao Brasil, teve contato com a raça Ongole durante uma visita ao zoológico de Hamburgo, na Alemanha, e de lá promoveu a importação de um casal de animais da raça. A raça foi então se expandindo aos poucos, primeiro no Rio de Janeiro e, em seguida, em São Paulo e Minas Gerais. Em 1938, houve, então, a criação do Registro Genealógico, que passou a definir as características raciais do Nelore.

Baldi et al. (2008) relatam que o total de bovinos importados da raça nelore até 1970 ultrapassavam 6 mil animais e já no início da década de 70 os produtores já passavam a dar importância para o melhoramento genético no país, sendo um dos fatores responsáveis por alavancar o desenvolvimento da raça. Outra questão relevante da raça, é a sua adaptabilidade e resistência a climas quentes, justificado pela sua superfície corporal muito bem irrigada por vasos capilares sanguíneos principalmente na região da barbela.

No Brasil, nota-se, que durante o período seco, há grande indisponibilidade de forragem, e as disponíveis se tornam altamente fibrosas. Com todas essas condições precárias durante o período seco, e o fato de a raça Nelore suportar bem este momento crítico, fez com que produtores tivessem uma atenção especial com a raça ao longo dos anos.

Outro aspecto interessante, é que a pelagem desses animais é de coloração branca, o que auxilia na eliminação do calor. Esse aspecto, aliado a um baixo nível metabólico fazem com que a raça apresente boa produtividade. Segundo Menezes et al., (2013), a justificativa para tal eficiência metabólica é que quando comparado com animais de outras raças, a nelore (zebuína) se alimenta menos, acarretando em uma menor produção de calor. Além disso, esses animais possuem cerca de 1.300 glândulas sudoríparas por centímetro quadrado contra 994 de alguns taurinos.

Segundo a Associação dos criadores de Nelore do Brasil (ACNB, 2015), estima-se, que o Brasil possui hoje um rebanho com mais de 200 milhões de bovinos de corte e leite criados a pasto, dos quais 81% do gado de corte é Nelore ou mestiço da raça, o que equivale a mais de 100 milhões de cabeças. O Nelore brasileiro, além de ser considerado hoje como um patrimônio legitimamente nacional, pode ser considerado como a grande vitória da carne brasileira. A sua carne é saudável e natural, exportada para mais de 146 países e cada vez mais demandada por consumidores esclarecidos do mundo todo.

Hoje o Brasil atende uma demanda interna de 40 Kg de carne bovina por pessoa por ano, totalizando 7,7 milhões de toneladas. Além disso, observam-se novas perspectivas de ganhos em mercados externos, justificada por uma alta demanda por esse tipo de carne que cresce juntamente com a população mundial. De acordo com a (ACNB, 2015), projeta-se, que até 2050

será necessário produzir no Brasil 49% a mais de carne para atender a demanda interna e a exportação será em torno de 80% maior que a verificada atualmente.

2.2 Avaliação de dados longitudinais

Segundo Pimenta et al. (2001), nos processos de avaliação genética e seleção em bovinos de corte, uma das características mais importantes é a taxa de crescimento na qual estudos envolvendo a característica peso corporal são bastante discutidos na literatura. Entretanto, dados de pesagens são difíceis de serem padronizados a uma determinada idade em algumas espécies animais, dificultando o processo de avaliação genética.

A característica peso corporal é uma das informações mais utilizadas em avaliações genéticas e em processos de seleção de bovinos de corte, podendo ser mensurada em intervalos regulares, permitindo que cada animal tenha várias medições caracterizando as chamadas medidas repetidas ou dados longitudinais. De acordo com Sarmento et al. (2003), essa terminologia tem sido utilizada para caracterizar um conjunto de observações provenientes de várias medições tomadas no mesmo indivíduo ao longo do tempo, como pesos corporais de um animal medidos em várias idades.

De acordo com Arongo et al. (2004) o peso corporal dos animais pode ser representado por um conjunto potencialmente infinito de pontos em diferentes idades, altamente correlacionados, que se modificam gradualmente até atingir um platô. O desafio é condensar essas informações em um conjunto de dados manipuláveis de parâmetros com significado biológico.

Ferraz et al. (2002a) comentaram em seus trabalhos que a análise de dados longitudinais, em geral, descrevem curvas de crescimento, lactação e produção. Inicialmente essas funções envolvem a utilização de funções matemáticas e fornecem uma interpretação biológica adequada dos parâmetros para a descrição da trajetória esperada no animal. Em seguida, tal autor comenta que um submodelo é utilizado para descrever as variações dos parâmetros especificados inicialmente entre os indivíduos e que usualmente também são incluídos os efeitos genéticos e ambientais nesse submodelo.

De acordo com Ribeiro et al (2001), dados longitudinais permitem incorporar uma estrutura de dependência entre as mensurações de observações repetidas em uma mesma unidade amostral, não se restringindo a dados balanceados, além de permitir que na análise possa ser feita a inclusão de (co)variáveis.

Diversos modelos têm sido propostos para a avaliação de dados dessa natureza, nas quais os modelos genéticos permitem a obtenção dos valores genéticos dos animais avaliados com base nas equações de modelos mistos. Dentre os vários métodos de avaliação, destacam-se os modelos de características múltiplas e mais recentemente, os modelos de regressão aleatória (Teixeira, 2011).

2.3 Modelos genéticos utilizados em melhoramento animal.

De início é válido lembrar que o modelo de repetibilidade pode ser considerado a forma mais simples para analisar os dados longitudinais e pressupõe que todas as mensurações feitas são pertencentes à mesma característica. Entretanto, esse modelo pressupõe que todas as variâncias, genéticas e não genéticas, não variam ao longo do tempo, ou seja, as correlações entre as medidas são iguais à unidade (Sarmiento, 2003).

O modelo em notação matricial é descrito como: $y = Xa + Z_1b + Z_2c + \varepsilon$ em que y é o vetor das observações, a é o vetor dos efeitos fixos, b é o vetor dos valores genéticos aditivos, c é o vetor de efeitos de ambiente permanente dos animais que possuem observações, ε é o vetor de erros, X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência que associam observações a níveis particulares dos efeitos fixos e aleatórios genéticos aditivos e de ambiente permanente de animal, respectivamente.

Nesse modelo, o valor genético aditivo do animal é constante para todas as idades, bem como o valor do efeito permanente de ambiente, sendo que o modelo de repetibilidade permite prever não apenas o valor genético dos animais, mas também os efeitos ambientais temporários (Silveira et al., 2004).

Dentro desse contexto, surge o modelo de características múltiplas (multicaracterístico) na qual trata cada medida repetida como se fosse uma característica diferente, permitindo a avaliação do peso dos animais a uma determinada idade predefinida. Porém, 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 numa trajetória torna o modelo excessivamente parametrizado, podendo inviabilizar a análise devido às limitações computacionais (Sarmiento et al., 2003).

De acordo com Pereira et al. (2001), um modelo simples pode ser representado da seguinte maneira, para uma característica i :

$$y = X_i b_i + Z_i a_i + \varepsilon_i$$

em que y é o vetor de observações; b_i , vetor de efeitos fixos; a_i , vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos; ε_i , vetor de resíduos; X_i e Z_i são matrizes de incidência de b_i e a_i ; cada um deles atribuídos especificamente à característica i , $i = 1, \dots, t$.

Nesse modelo, as covariâncias entre as medidas nas diferentes idades variam e as correlações podem ser diferentes da unidade, ou seja, as correlações são levadas em consideração na análise, mas não é feita qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias (Sarmiento et al., 2006).

Já os modelos de regressão aleatória (MRA) permitem a predição de coeficientes de regressão que representam o comportamento do valor genético aditivo de cada animal na característica avaliada em função do tempo (idade) ou qualquer outra variável contínua. Dessa forma, infinitos valores da variável independente são considerados dentro de um intervalo definido. Por esse motivo, o modelo não exige utilização de fatores de ajuste para idades consideradas como padrão e permite uma melhor utilização dos dados disponíveis, já que todas as informações do animal e de seus parentes são utilizadas (Santos et al., 2005).

Segundo Garneiro et al. (2010), o uso de MRA tem sido proposto como alternativa para modelar características de crescimento, que são medidas repetidas na vida dos animais, sendo consideradas como dados longitudinais. Os autores também comentam que nos modelos de dimensão infinita as medidas são mais correlacionadas e próximas entre si.

Um modelo básico de regressão em notação matricial descrito por Laureano et al. (2011), considerando que a relação entre uma dada característica e a idade seja quadrática pode ser ajustado da seguinte forma:

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 p + Z_3 d + \varepsilon$$

em que y é o vetor de pesos em diferentes idades para os diferentes indivíduos avaliados; b é o vetor de coeficientes de regressão fixos do modelo; a é o vetor dos coeficientes de regressão aleatórios atribuídos aos efeitos genéticos aditivos; p é o vetor dos coeficientes de regressão aleatórios atribuídos aos efeitos genéticos aditivos materno; d o vetor dos coeficientes de regressão aleatórios atribuídos aos efeitos ambientais permanentes do animal, X é a matriz contendo as covariáveis para os fatores fixos do modelo; Z_1 Z_2 e Z_3 são as matrizes de covariáveis relativas aos efeitos aleatórios; ε é o vetor dos efeitos residuais para o modelo de regressão geral.

Os MRA acomodam registros repetidos de características que mudam gradualmente ao longo do tempo, não requerendo pressuposições sobre a constância de variância e correlações (Meyer, 2005b), e têm sido utilizados no melhoramento animal para modelar registros diários

para a produção de leite durante a lactação de bovinos leiteiros (Costa et al, 2008; Cobuci et al., 2004), assim como no crescimento corporal de bovinos de corte (Meyer, 2003; Martins et al., 2000) e ovinos (Sarmiento et al., 2006), além de vários outros estudos em outras espécies de interesse zootécnico.

A eficiência dos MRA foi constatada por Meyer (2004) em estudos de avaliação genética de bovinos de corte em crescimento pela implementação de um MRA, quando a acurácia da avaliação genética melhorou com a substituição do modelo de características múltiplas pelos MRA. Nesse estudo, a autora ressalta que os modelos de regressão aleatória são uma alternativa óbvia e preferencial, que não só remove os limites atuais sobre os registros por animal como também elimina a necessidade de correção para a idade, fornecendo estimativas do mérito genético do animal para qualquer idade.

Sarmiento et al. (2006), em um trabalho sobre avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês, utilizando MRA, relataram que os valores genéticos preditos mostraram-se mais adequados que os estimados pelo modelo bicaracterística, indicando que a regressão aleatória é uma metodologia poderosa para determinar o mérito genético dos animais. Nesse estudo, os autores relataram que o uso dos MRA para a estimação dos parâmetros genéticos e predição do valor genético dos animais apresentou maior acurácia que os modelos bicaracterísticas.

Dias et al. (2005) utilizaram MRA para estimar parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para bovinos da raça Tabapuã e observaram que os MRA mostraram-se adequados para descrever as mudanças na variância dos pesos no período estudado. Os autores relataram que os valores de herdabilidades para efeito aditivo direto decresceram do nascimento (0,28) até próximo a desmama (0,21), por volta dos 240 dias de idade e, após essa idade, apresentaram tendência de aumento, atingindo 0,24 aos 550 dias de idade, o que comprova as mudanças na variância ao longo do crescimento do animal.

Também utilizando regressão aleatória, Choy et al. (2002) encontraram baixos valores de herdabilidade para peso ao nascimento (0,09) e observaram diminuição nas estimativas de herdabilidade direta dos 35 dias (0,44) aos 210 dias de idade (0,22), voltando a aumentar até os 378 dias de idade (0,40) para bovinos da raça Nelore.

Vários trabalhos têm sido desenvolvidos por meio de regressão utilizando os polinômios de Legendre e os valores das idades padronizadas de -1 a 1. Holanda et al. (2004) compararam valores genéticos preditos para características de crescimento em bovinos Guzerá, por modelos de regressão aleatória sob polinômios de Legendre e modelos de característica única padrão, e obtiveram correlações variando entre 0,25 e 0,48, sugerindo diferença na ordem de classificação

dos animais quando os dois modelos são comparados. Os autores concluíram que os melhores animais escolhidos pelo MRA apresentaram classificação diferente daqueles destacados por meio de análises multicaracterísticas.

Costa et al. (2008), ao estudarem funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia do controle por meio de MRA, encontraram herdabilidade que oscilaram de 0,12 a 0,29. Os autores destacam que o modelo de regressão aleatória que utilizou a maior ordem para os polinômios de Legendre descreveu melhor a variação genética da produção de leite de acordo com os critérios de Akaike (AIC). Nesse estudo, os autores concluíram ainda que o efeito aleatório de ambiente permanente apresentou maior variabilidade no início e no final da lactação, demonstrando que essa variância não é constante ao longo da trajetória de lactação. Assim, ao ajustar uma função de covariância para esse efeito, é possível separar mais eficientemente a variação de efeitos genéticos e não genéticos, refletindo em estimativas de herdabilidades mais acuradas.

Araujo et al. (2006), ao estimarem herdabilidades para produção de leite no dia do controle de vacas da raça Holandesa via regressão aleatória, utilizaram polinômios de Legendre de ordens 3, 4 e 5 para modelar curvas fixas da regressão associadas aos efeitos genéticos aditivos e permanentes de ambiente e encontraram valores de herdabilidades que variaram de 0,15 a 0,24 (ordem 3), 0,14 a 0,26 (ordem 4) e 0,11 a 0,27 (ordem 5). Os autores concluíram que os modelos de ordem 4 e 5 produziram estimativas de herdabilidade bastante semelhantes e com menores variações ao longo da lactação do que os realizados através de análises multicaracterística.

Já Siqueira et al. (2003), ao estudarem funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos Nelore, encontraram correlações genéticas baixas entre os pesos nas idades iniciais e o peso nas idades finais. Os autores salientam que o uso de funções de covariância por meio de regressão aleatória, utilizando-se polinômios de Legendre, foi bem adequado para a descrição dos componentes de variância genética em relação ao uso de modelos multicaracterístico, porém, deve-se ter cautela em seu uso, pois ainda há dúvidas quanto ao correto grau de ajuste a ser aplicado ao polinômio.

Outro conceito importante, sempre mencionado quando se trata de MRA, diz respeito às funções de covariância. Segundo Meyer (2005c), as funções de covariância têm sido reconhecidas como uma alternativa adequada ao convencional modelo misto de características múltiplas para descrever variâncias genéticas e fenotípicas de dados longitudinais. Souza et al. (2011) definiram as funções de covariâncias como sendo uma função contínua que fornece as

(co)variâncias de características medidas em diferentes pontos de uma trajetória, descrevendo a covariância entre medidas tomadas em determinadas idades como uma função dessas idades.

O grande interesse em relação às funções de covariância para a modelagem de dados longitudinais é que elas permitem descrever mudanças graduais das covariâncias com o passar do tempo, e prever variâncias e covariâncias para pontos ao longo de uma trajetória, mesmo que haja pouca ou nenhuma informação entre os pontos (El Faro & Albuquerque, 2003) e podem ser obtidas por matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão estimados por meio de modelos de regressão aleatória (Meyer, 2005a).

Segundo El Faro e Albuquerque (2003), os MRA, utilizando as funções de covariância, também permitem considerar a heterogeneidade de variâncias residuais no dia controle. Essa modelagem pode melhorar a partição da variância total, o que proporciona aumento da acurácia na estimação de parâmetros e valores genéticos, maximizando a resposta à seleção.

Alguns autores têm demonstrado a necessidade de se utilizar heterogeneidade de variância em modelos de regressão aleatória em bovinos leiteiros (El Faro & Albuquerque, 2003), em bovinos da raça nelore (Dias et al., 2006), em Tabapuãs (Sakaguti et al., 2002) e em crescimento de codornas de corte (Teixeira, 2011).

Em suma, as funções de covariância são utilizadas para características que apresentam alterações ao longo tempo e podem ser mensuradas em uma trajetória, sendo chamadas de dimensão infinita como, por exemplo, as características peso corporal, lactação, produção de ovos e sobrevivência. Além disso, as funções de covariância permitem a modelagem de estruturas de variância e covariância para as características descritas, são capazes de prever a estrutura de covariâncias em um ponto ao longo de uma escala contínua (tempo), dão flexibilidade para mensurações ao longo da trajetória sem ter que corrigir para uma idade padrão e analisam padrões de covariância associados a determinadas alterações da característica ao longo da trajetória (Silva et al., 2013).

Já Mello et al. (2006), em estudo com funções B-spline, define matematicamente splines como sendo funções de regressão segmentadas em que se impõem restrições para que os pontos de cada segmento se unam nos pontos chamados nós. Já a origem do nome spline, encontrada na literatura de Meyer (2005b) se baseia em uma fina tira de madeira usada na construção civil, que segundo a autora, isso nos dá uma introspecção da definição matemática de spline, pois antigamente, desenhistas usavam longas e finas tiras de madeira chamadas splines para desenhar uma curva suave entre pontos específicos.

Os pontos de união na teoria matemática de spline são chamados nós (Iwaisaki et al., 2005). 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 Sakaguti et al. (2002), 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 Scarpel et al. (2004), citado por Sakaguti (2000), polinômios segmentados podem ser definidos como segmentos de polinômios de grau n que estão conectados de forma a ter derivadas contínuas de grau $n-1$, já os pontos onde os segmentos se conectam são chamados de nós. 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 (Tijanu et al., 1999).

Menezes et al. (2013), comentam que 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. Dessa forma, em tais casos, os polinômios segmentados apresentam-se como excelente opção.

Ferraz et al. (2002a) em trabalho com polinômios segmentados comenta que 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. Dessa forma, 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 e as 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 (Best Linear Unbiased Estimators – BLUE).

A teoria de polinômios segmentados e suas aplicações é relativamente recente, há pouquíssimos trabalhos que mencionam o assunto a bovinos de corte, e permanece como uma área de pesquisa bastante ativa (Menezes et al., 2013). O que demonstra a importância desse assunto para o presente trabalho com bovinos da raça nelore.

O rápido desenvolvimento dos polinômios segmentados é devido, principalmente, a sua grande utilidade em situações aplicadas. Classes de funções splines possuem excelentes

propriedades estruturais assim como excelentes poderes de aproximação. Como elas são fáceis de armazenar, avaliar e manipular em um computador, uma série de aplicações na solução numérica de uma variedade de problemas em matemática aplicada tem sido desenvolvida (Albuquerque et al., 2004).

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.

Meyer (2005a) apresentou algumas vantagens das funções splines: 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; 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; funções não lineares e polinômios ordinários de graus diferentes podem ser aproximados por funções splines que são lineares nos parâmetros, de fácil estimação, com propriedades ótimas (BLUE) e de simples interpretação biológica; aumentam o domínio da aproximação, isto é, fornecem estimativas em um campo mais amplo de possíveis valores.

Menezes et al. (2013), trabalhando com funções spline para um banco de dados proveniente de rebanhos bovinos da raça Tabapuã com registros de peso do 1º ao 600º dia de idade, relataram que as estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos estimados usando MRA 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.

Iwaisaki et al. (2005) avaliaram a curva de crescimento de bovinos de corte utilizando polinômios segmentados do tipo B em MRA como uma alternativa aos polinômios ortogonais de Legendre e, no geral, as análises utilizando 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 os autores, 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.

Lobo et al. (2000) estimaram parâmetros para pesos ao nascimento, desmama e ano em bovinos de corte usando modelo multicaracterístico e MRA com polinômios segmentados lineares do tipo B. Houve, de maneira geral, 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. Observou-se também, que a 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.

Lira 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. Os autores concluíram que, os 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.

Meyer et al. (2005d) compararam avaliações genéticas de dados de crescimento em um grande população de bovinos de corte usando 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. Duas avaliações usando MRA foram realizadas usando polinômios ortogonais de Legendre cúbico e polinômios segmentados lineares do tipo B com três “nós” sendo ao 1º, 205º e 365º dias de idade. MRA com polinômios ortogonais de Legendre apresentaram problemas de convergência, sendo esta atingida somente após diagonalização.

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.

Nobre et al. (2003a) trabalhando com polinômios segmentados para ajuste de curvas de crescimento em bovinos de corte estimaram os nós da seguinte forma: primeiramente foi feita uma inspeção, utilizando um diagrama de pontos. Segundo os autores, esse procedimento auxilia a visualização de quantos segmentos compõem a reta, além dos prováveis pontos onde ocorrem mudanças na curvatura. Em uma segunda etapa, valores iniciais obtidos através do diagrama foram continuamente experimentados de maneira que se encontrou o ponto onde a soma de quadrados do resíduo foi minimizada.

Cobuci et al. (2004c) analisaram registros de 5.158 primeiras lactações de vacas da raça holandesa Leiteiro sendo que as variáveis foram agrupadas em dez classes mensais e analisadas por modelos de regressão aleatória, cujos efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, foram modelados utilizando-se funções B-splines. A modelagem da variância residual foi feita por meio de uma, quatro, seis ou dez classes. Os autores concluíram que o modelo considerando uma função B-spline quadrática, com cinco coeficientes de regressão aleatória para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente e quatro classes de variâncias residuais é parcimonioso e ajusta-se aos registros de produção de leite no dia do controle de vacas Gir.

Figueiredo et al. (2004) estimaram parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos 820 dias de idade em bovinos de corte, aplicando funções B-splines para descrever as trajetórias para os efeitos aleatórios de um modelo de regressão aleatória. Os autores reportaram que este método é menos susceptível a problemas frequentemente observados em análises com regressão polinomial devido ao fato do modelo conter segmentos individuais de polinômios de menores graus e um melhor controle da influência global das observações individuais.

Meyer et al. (2005a), estudando dados de produção de leite, gordura e proteína no dia do controle e também de escores de células somáticas de vacas da raça Holandesa no Canadá, compararam quatro modelos de regressão aleatória, em que as regressões fixas e aleatórias eram ambas ajustadas por polinômios de Legendre de ordem 4 ou funções splines lineares com quatro, cinco ou seis nós. Foram consideradas 12 classes de variâncias residuais. Os autores concluíram que o modelo que utilizava funções splines lineares com seis nós foi superior aos demais modelos, devendo ser preferido para as avaliações genéticas da raça Holandês no Canadá.

Cobuci et al. (2004) estudaram funções B-splines para ajuste de dados de produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas da raça Holandês no Brasil. Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de funções B-splines lineares, quadráticas ou cúbicas, com até sete nós, sendo que o resíduo foi considerado heterogêneo contendo seis classes. O modelo empregando uma função B-spline cúbica com o número de coeficientes de regressão aleatória igual a oito tanto para o efeito aleatório genético aditivo como de ambiente permanente foi o mais adequado para ajustar os dados. Para tal modelo, os valores de herdabilidade variaram de 0,20 a 0,40 ao longo da lactação.

Dessa forma, podemos verificar que inúmeras ordens de polinômios podem ser assumidas para os segmentos que conjuntamente representarão o modelo de regressão aleatória para uma função ajustada por polinômios de Legendre e funções B-spline. A necessidade de escolha das

ordens dos polinômios, o posicionamento e quantidade de nós se tornam os principais fatores para estimação adequada das (co)variâncias entre os coeficientes dos polinômios.

3.0 MATERIAL E MÉTODOS

O conjunto de dados analisado nesse trabalho foi fornecido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), localizada no município de Ribeirão Preto, São Paulo. A característica estudada foi peso corporal de bovinos da raça Nelore, proveniente de 308 fazendas, coletados pelo centro de controle de desenvolvimento ponderal (CCDP). Foram utilizados registros de peso dos 60 ao 499 dias de idade de animais nascidos entre 2005 e 2012, criados exclusivamente a pasto. Dois conjunto de dados iguais foram preparados para as análises estatísticas: o primeiro conjunto ajustando-se modelos multicaracterísticos e o segundo via modelos de regressão aleatória.

Para ambas as análises, considerou-se o grupo de contemporâneos (GC), definido por animais de mesmo sexo, ano, fazenda de nascimento e estação do ano (Janeiro a Março, Abril a Junho, Julho a Setembro e Outubro a Dezembro) como efeito fixo, e GC composto por menos de três observações foram removidos do conjunto de dados.

O conjunto de dados para as análises multicaracterísticas foi composto por pesos ajustados para idades aos 120 (P_{120}), 210 (P_{210}), 365 (P_{365}) e 450 (P_{450}) dias, sendo que foram aproveitadas para o cálculo de P_{120} , P_{210} , P_{365} e P_{450} respectivamente, as pesagens realizadas entre 60 a 149; 150 a 299; 300 a 419 e 420 a 499 dias de idade.

Os pesos foram ajustados pela expressão:

$$PP_i = P_0 + [(P_i - P_0) / (D_i)] (L_i), \text{ em que:}$$

PP_i = peso padronizado para a idade padrão i ;

P_0 = peso ao nascimento;

P_i = peso real observado;

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

L_i = idade padrão, [$i = 1$ (120 dias), ..., 4 (450 dias);

Além disso, foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do GC, formados por três desvios-padrão abaixo ou acima. Após essas restrições o conjunto de dados para as análises multicaracterísticas ficou composto por 196.541 observações referentes a 49.138 animais, filhos de 1.812 touros e 29.191 vacas. A organização e a análise de

consistência do conjunto de dados foram realizadas utilizando-se o programa Software SAS 9.4 (2013). A estatística descritiva dos arquivos de dados para análises multicaracterísticas está apresentada na (Tabela 1).

Tabela 1 – Número de observações (N), de grupos de contemporâneos (GC), média ($\bar{X}$), desvio-padrão (σ) e coeficiente de variação (CV) do conjunto de dados usados na análises multicaracterísticas.

Pesos (idades)	N	GC	$\bar{X}$ (kg)	σ (kg)	CV (%)
P₁₂₀	80.323	3.043	131,6	30,6	23,25
P₂₁₀	57.996	2.883	221,6	61,4	25,41
P₃₆₅	34.202	2.435	313,9	81,2	25,86
P₄₅₀	24.020	2.102	380,6	89,1	23,41

P₁₂₀, P₂₁₀, P₃₆₅ e P₄₅₀ = pesos ajustados para 120, 210, 365 e 450 dias de idade.

Já o conjunto de dados para as análises do MRA foi composto pelos mesmos registros de pesos dos animais usados nas análises multicaracterísticas, porém não ajustados. Novamente, a organização e a análise de consistência dos dados foram realizadas pelo programa SAS 9.4 (2013). São apresentados na (Tabela 2) respectivamente, as estatísticas descritivas e a estrutura dos dados dos animais utilizados nas análises.

Tabela 2 – Estrutura do arquivo para análise de regressão aleatória com relação ao número de registros por animal.

Número de registros	Número de animais	(%)
1	2.002,0	4,07
2	2.300,0	4,7
3	10.321,0	21,0
4	25.406,0	51,7
5	1.334,0	2,72
6	3743,0	7,62
7	4032,0	8,2
Total	49.138	100,00

% = porcentagem.

A estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos tanto para as análises com modelos multicaracterísticos quanto para os modelos de regressão aleatória, foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) desenvolvido por

Patterson & Thompson (1971) e obtidos pela utilização do programa “Wombat”, desenvolvido por Meyer (2007), que utiliza os algoritmos EM, DF, AI, e PX-EM.

Segundo Meyer (2007) o software Wombat é um programa que utiliza um particular algoritmo para encontrar o máximo de uma função de verossimilhança e por padrão o início das análises começa pelo “algoritmo AI” que propõe um aumento no logaritmo de verossimilhança, a cada iteração, podendo utilizar algumas iterações com o algoritmo PX-EM, para facilitar a convergência. Nota-se, também, que o programa oferece opções de se utilizar os algoritmos de diferentes maneiras.

3.2 Modelagem estatística

3.2.1 Modelo multicaracterístico

Foram realizadas análises unicaracterísticas nas quatro características estudadas (P_{120} , P_{210} , P_{365} e P_{450}) em três diferentes modelos (B_1 , B_2 e B_3), que diferiram quanto a inclusão de efeitos aleatórios: sendo o modelo (B_1) com efeito genético aditivo direto do animal, (B_2) para efeitos genético aditivo direto do animal e genético aditivo materno, (B_3) para os efeitos genético aditivo direto do animal, genético aditivo materno e efeito de efeito de ambiente permanente materno.

Foi empregado o teste da razão de verossimilhança (LRT) para verificar a diferença entre os modelos. Através desse teste, é possível verificar a significância da inclusão dos efeitos aleatórios e identificar o modelo mais adequado na qual melhor se ajusta aos dados com o menor número de parâmetros. A estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão:

$LRT_{ij} = 2\text{Log}_e L_i - 2\text{Log}_e L_j$, em que:

$\text{Log}_e L_i$ é o máximo da função de verossimilhança, para o modelo completo i;

$\text{Log}_e L_j$ é o máximo da função de verossimilhança, para o modelo reduzido j.

A estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado (χ^2) tabelado, com “n” graus de liberdade e significância de 1%, em que “n” é a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido. A hipótese de nulidade testada foi a de que os modelos não diferiram entre si. Se $LRT > \chi^2_{\text{tab}(n;0,01)}$, o teste é significativo e o modelo completo fornece melhor ajuste em comparação ao modelo reduzido.

Posteriormente, foram realizadas análises bicaracterísticas, utilizando-se a seguinte fórmula: $b = p(p-1)/2$, em que “b” é o número de análises a serem realizadas, “p” é o número de características. Utilizou-se, para estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros

genéticos o valor de $p = 4$, para representar as características (P_{120} , P_{210} , P_{365} e P_{450}), o que totaliza 6 análises, para as seguintes combinações: $P_{120-210}$, $P_{120-365}$, $P_{120-450}$, $P_{210-365}$, $P_{210-450}$ e $P_{365-450}$),

O modelo, de forma geral, continha o efeito fixo de GC e os efeitos aleatórios, genético aditivo direto do animal, genético aditivo materno, efeito de ambiente permanente materno e o efeito residual, podendo ser descrito, matricialmente, da seguinte forma:

$$Y = Xa + R_1b + R_2c + R_4f + e.$$

em que:

Y = vetor de observações;

X = matriz de incidência de efeito fixo;

R_1 , R_2 e R_4 = matrizes de incidência dos efeitos aleatórios; sendo R_1 : matriz de incidência de efeito aleatório genético aditivo direto do animal, R_2 : efeito aleatório genético aditivo materno, R_4 : efeito aleatório de ambiente permanente materno;

a = vetor de efeitos fixos (grupos contemporâneos);

b = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos do animal;

c = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos materno;

f = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

O modelo pode ser escrito matricialmente da seguinte forma:

$$E \begin{bmatrix} y \\ b \\ c \\ f \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xa \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} e, \quad V \begin{bmatrix} b \\ c \\ f \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_b \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & G_c \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & G_f \otimes I_q & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \otimes I_o \end{bmatrix}$$

G_b = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos direto do animal;

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

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

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

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

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

I_o = matriz identidade, cuja ordem é o número de registro;

$\otimes$ = operador produto de Kronecker.

Assumiu-se que os efeitos aleatórios do modelo não são correlacionados entre si e o arquivo com as informações de genealogia dos animais, para a implementação da matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos (A), foi caracterizado pela inclusão de um arquivo de “pedigree” contendo identificação do animal, pai e mãe, com um total de 247.818 animais.

3.2.2 Modelos de regressão aleatória (MRA)

Polinômios de Legendre

O modelo proposto incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneo (GC), a trajetória média do peso (trajetória fixa = K_a), além dos efeitos aleatórios genético aditivo direto do animal (K_b), genético aditivo materno (K_c), ambiente permanente direto (K_d), ambiente permanente materno (K_e) e residual (E).

Para modelar a trajetória fixa (K_a) foram utilizados os polinômios de Legendre de ordem três (quadrático) ou quatro (cúbico). Já as trajetórias aleatórias, foram modeladas utilizando polinômios ortogonais de Legendre, variando-se os ajustes de K_b , K_c , K_d e K_e , com ordens que variaram de dois (linear) a quatro (cúbico). Essas ordens de ajustes foram escolhidas para obtenção de um modelo mais parcimonioso, pois modelagens com altos graus polinomiais para um conjunto de dados desbalanceado, pode gerar estimativas erráticas, em razão do fenômeno de Runge, descrito por de Boligon (2010).

Segundo Teixeira et al. (2013) no campo da análise matemática numérica, o fenômeno de Runge é um problema de oscilação nas bordas de um determinado intervalo, que ocorre quando se utiliza a interpolação polinomial com polinômios de ordem elevada ao longo de um conjunto de pontos de interpolação equidistantes. Esse fenômeno foi descoberto por Runge (1928) ao explorar o comportamento de erros ao usar interpolação polinomial, que harmoniza determinadas funções. Essa descoberta foi importante porque mostra que graus mais elevados nem sempre melhoram a precisão. O modelo de regressão aleatória foi assim descrito:

$$Y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{k_a-1} a_m \phi_m(s_i) + \sum_{m=0}^{k_b-1} b_{im} \phi_m(s_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_c-1} c_{im} \phi_m(s_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_d-1} d_{im} \phi_m(s_{ij}) + \sum_{m=0}^{K_e-1} e_{im} \phi_m(s_{ij}) + E_{ij}$$

em que:

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

F_{ij} = conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (sexo, rebanho, ano e estação de nascimento);

a_m = são os coeficiente de regressão para modelar a curva média de crescimento dos animais;
 $\phi_m(s_i)$ = é a função da regressão de ordem k_a que descreve a curva média da população de acordo com a idade do animal (s_i); b_{im} , c_{im} , d_{im} , e_{im} = são os coeficientes de regressão aleatória, referentes aos efeitos genético aditivo direto do animal, genético aditivo materno, de ambiente permanente direto e ambiente permanente materno, respectivamente, para cada animal;
 $\phi_m(s_{ij})$ = são as funções de regressão que descrevem as trajetórias de cada indivíduo j de acordo com a idade (s_i) para os efeitos aleatórios genético aditivo direto do animal, genético aditivo materno, de ambiente permanente direto e ambiente permanente materno.
 k_b , k_c , k_d e k_e = são as ordens dos polinômios utilizados para descrever os efeitos genético aditivo direto do animal, genético aditivo materno, ambiente permanente direto e ambiente permanente materno; E_{ij} = é o erro associado a cada idade i do animal j .

Novamente, assumiu-se que os efeitos aleatórios do modelo não são correlacionados entre si e a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright utilizada nas análises conteve 247.818 animais.

Doze (12) diferentes MRA foram testados, utilizando-se de polinômios ortogonais de Legendre, de ordens dois (linear), três (quadrático) ou quatro (cúbico), com intuito de modelar as trajetórias fixas ou aleatórias (Tabela 3). De posse do modelo mais adequado, considerando homogeneidade de variância residual (CL_1), avaliou-se, também a heterogeneidade de variância considerando três classes, denominadas (CL_2 ; CL_3 ; CL_4). A CL_2 foi formada por duas idades: variando de 60-149 e 150-499 dias, já a CL_3 em três idades: 60-149, 150-299 e 300-499 dias e por último a CL_4 agrupada em quatro idades: 60-149, 150-299, 300-419 e 420-499 dias. É importante destacar, que de acordo com Costa et al. (2008) as classes de variâncias residuais não precisam ser separadas em intervalos iguais.

Tabela 3. Modelos de regressão aleatória com suas respectivas ordens dos polinômios de Legendre para o ajuste da trajetória fixa (K_a) e das trajetórias aleatórias (K_b , K_c , K_d e K_e) e classes de heterogeneidade de variância.

Modelos	Ordens dos polinômios				
	K_a	K_b	K_c	K_d	K_e
1	3	3	2	2	2
2	3	3	3	3	2
3	3	2	4	3	3
4	3	2	3	4	3
5	3	2	4	4	4
6	3	4	4	4	4
7	4	3	2	2	2
8	4	2	2	3	2
9	4	2	2	3	3
10	4	3	3	4	3
11	4	2	4	4	4
12	4	4	4	4	4
Classes de Variâncias Residuais		Idades (dias)			
CL ₁	-	-	-	-	-
CL ₂	60-149	150-499	-	-	-
CL ₃	60-149	150-299	300-499	-	-
CL ₄	60-149	150-299	300-419	420-499	-

CL= classes de variâncias residuais; K_a = ordem de ajuste para o efeito fixo; K_b = ordem de ajuste para o efeito aleatório genético aditivo direto do animal; K_c = ordem de ajuste para o efeito aleatório genético aditivo materno; K_d = ordem de ajuste para o efeito aleatório de ambiente permanente direto; K_e = ordem de ajuste para aleatório de ambiente permanente materno.

Para testar a diferença entre os modelos estudados e, assim escolher o melhor modelo de ajuste, foram feitas comparações pelo Critério de informação de Akaike (AIC) (Akaike, 1974), critério de informação bayesiano de Schwarz (BIC), pelos valores de logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$) e pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), a 1% de probabilidade.

AIC, BIC e LogeL foram obtidos pelo programa Wombat (Meyer, 2007). AIC e BIC impõem penalidades de acordo com o número de parâmetros a serem estimados e são definidos como segue: $AIC = -2\ln L + 2p$ e $BIC = -2\ln L + p \ln [N - r(X)]$ em que $\ln L$ é o máximo do logaritmo da função de verossimilhança; p = número de parâmetros estimados; N = número de observações; $r(X)$ = posto da matriz de incidência dos efeitos fixos do modelo.

A estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão: $LRT_{ij} = 2\text{Loge}L_i - 2\text{Loge}L_j$, em que: $\text{Loge}L_i$ é logaritmo da função de verossimilhança para o modelo completo i ; e $\text{Loge}L_j$ é o logaritmo da função de verossimilhança para o modelo reduzido j . A estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado (χ^2) tabelado, com “n” graus de liberdade e significância de 1%, em que “n” é a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido. A hipótese de nulidade testada foi a de que os modelos completo e reduzido não diferiram entre si. Se $LRT > \chi^2_{\text{tab}(n;0,01)}$ o teste é significativo e o modelo completo fornece melhor ajuste em comparação ao modelo reduzido.

Polinômios Segmentados (B-splines)

Os modelos propostos incluíram os efeitos fixos de grupo de contemporâneo e trajetória média do peso, além dos efeitos aleatórios genético aditivo direto do animal, genético aditivo materno, ambiente permanente direto, ambiente permanente materno e residual. O modelo geral, com suas pressuposições, pode ser descrito na forma matricial da seguinte maneira:

$$y = Xa + T_1b + T_2c + T_3d + T_4e + E$$

$$E \begin{bmatrix} Y \\ b \\ c \\ d \\ e \\ E \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xa \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, V \begin{bmatrix} b \\ c \\ d \\ e \\ E \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_b \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_c \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_d \otimes I_{wo} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & K_e \otimes I_{wm} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

y = vetor de observações; a = vetor de efeitos fixos (incluindo F_{ij} e a_m);

b = vetor dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo direto do animal;

c = vetor dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético materno; d = vetor dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito de ambiente permanente direto;

e = vetor dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito de ambiente permanente materno;

E = vetor aleatório residual; X , T_1 , T_2 , T_3 e T_4 = são as matrizes de incidência correspondentes;

K_b , K_c , K_d e K_e = são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios

genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente direto e ambiente permanente materno; A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos, I_{wo} = matriz identidade de dimensão o (número de animais com registro); I_{wm} = matriz identidade de dimensão m (número de vacas com filhos com registro); R = matriz diagonal de variâncias residuais; $\otimes$ = operador produto de Kronecker.

Mais uma vez, assumiu-se que os efeitos aleatórios do modelo não são correlacionados entre si e uma observação importante, é que a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright utilizada nas análises continha 247.818 animais. Para modelar a trajetórias fixas e aleatórias foram ajustados funções B-Splines com segmentos (linear, quadrático e cúbico) com os respectivos nós.

De acordo com (Meyer., 2005c e Menezes et al., 2013) as funções B-spline podem ser definida recursivamente, sendo que as funções base de grau $p = 0$ têm valores iguais a “um” para todos os pontos (t) em um dado intervalo, e “zero” caso contrário. Para o k -ésimo segmento dado por nós T_k e T_{k+1} com $T_k \leq T_{k+1}$:

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

Já as funções $B_{k,p}$, para $p > 0$, podem ser representadas por:

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

Para os polinômios linear (L), quadrático (Q) e cúbico (C), foram considerados para cada segmento individual, as funções bases de grau $p = 1, 2$ e 3 , unidos em pontos determinados por nós, o que permite que a função se torne contínua, sendo que os polinômios de mesmo grau, foram considerados no modelo para a curva fixa e para os efeitos aleatórios.

Os “ m ” nós foram escolhidos para dividir as classes de idade a pesagem em determinados intervalos estabelecidos, sendo que os nós externos foram localizados no 0º e 499º dia de pesagem para todos os modelos. No presente trabalho optou-se por utilizar 2, 3, 4 e 5 segmentos (para a trajetória fixa, aleatória genética aditiva direta e materna), com seus respectivos (3 4, 5 e 6) nós, sendo posicionados sobre (0 – 210 – 499); (0 – 120 – 210 – 499); (0 – 120 – 210 – 365 – 499) e (0 – 100 – 200 – 300 – 400 – 499) dias de idade, basenado-se na literatura. Já para as trajetórias aleatórias (de ambiente permanente direto e materno) optou-se, por utilizar 1 único segmento com dois nós localizados nas extremidades da curva. De acordo com Meyer et al., (2004) o número de coeficientes de regressão aleatória para modelar a trajetória das funções

bases linear, quadrática e cúbica, são dados, respectivamente, por m , $m+1$ e $m+2$, sendo m = nós. Portanto, se temos uma função B-spline (quadrática), usaremos o “ $m+1$ ” para calcular o número de coeficientes de regressão a serem utilizados.

Está reportado na (Tabela 4) os modelos testados, sendo que a notação dos MRA seguirá o seguinte padrão: “BSX $k_1k_2k_3Hv$ ”, BS= função de regressão aleatória do tipo B-spline, em que X= L, Q e C são os graus do segmento polinomial linear (L), quadrático (Q) e cúbico (C), respectivamente. O “ k_1 ” corresponde ao número de coeficientes de regressão fixo, já “ k_2 ” especifica o número de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno e k_3 especifica o número de coeficientes de regressão aleatória para o ambiente permanente direto e ambiente permanente materno. Já “H” corresponde à classe de variância residual e “v” ao número de classes de variâncias residuais, podendo variar de uma classe homogênea (CL₁) até três classes heterogêneas (CL₂, CL₃ e CL₄).

Inicialmente, as funções B-splines foram avaliadas, considerando homogeneidade de variâncias residuais (CL₁) e de posse do modelo mais adequado, avaliou-se, também a heterogeneidade de variância considerando três classes (CL₂; CL₃ e CL₄). A CL₂ foi agrupada em duas classes de idades: 60-149 e 150-499 dias, já a CL₃ foi agrupada em três classes de idade: 60-149, 150-299 e 300-499 dias e por último a CL₄ foi agrupada em quatro classes de idade: 60-149, 150-299, 300-419 e 420-499 dias.

Tabela 4. Modelos, função de regressão polinomial B-spline (BSX L, Q ou C), coeficientes de regressão aleatória (k_1 , k_2 e k_3), nós e número de segmentos (N) para modelar a curva de crescimento de bovinos da raça Nelore.

Modelos	BSX (L, Q ou C)	k_1	k_2	k_3	Nós	N
B-Spline (Linear)						
1	BSL	3	3-3	2-2	(0 – 210 – 499)	2
2	BSL	4	4-4	2-2	(0 – 120 – 210 – 499)	3
3	BSL	5	5-5	2-2	(0 – 120 – 210 – 365 – 499)	4
4	BSL	6	6-6	2-2	(0 – 100 – 200 – 300 – 400 – 499)	5
B-Spline (quadrático)						
1	BSQ	4	4-4	3-3	(0 – 210 – 499)	2
2	BSQ	5	5-5	3-3	(0 – 120 – 210 – 499)	3
3	BSQ	6	6-6	3-3	(0 – 120 – 210 – 365 – 499)	4
4	BSQ	7	7-7	3-3	(0 – 100 – 200 – 300 – 400 – 499)	5
B-Spline (cúbico)						
1	BSC	5	5-5	4-4	(0 – 210 – 499)	2
2	BSC	6	6-6	4-4	(0 – 120 – 210 – 499)	3
3	BSC	6	6-6	4-4	(0 – 120 – 210 – 365 – 499)	4
4	BSC	7	7-7	4-4	(0 – 100 – 200 – 300 – 400 – 499)	5
Classes de variâncias Residuais		Idade (dias)				
CL₁		-	-	-	-	-
CL₂		60-149	150-499	-	-	-
CL₃		60-149	150-299	300-499	-	-
CL₄		60-149	150-299	300-419	420-499	-

CL= classes de variâncias residuais.

Para verificar as diferenças entre os modelos estudados e, assim escolher o de melhor ajuste, foram feitas comparações pelo Critério de informação de Akaike (AIC) (Akaike, 1974), critério de informação bayesiano de Schwarz (BIC), pelos valores de logaritmo da função de verossimilhança (Log_eL).

AIC, BIC e Log_eL foram obtidos pelo programa Wombat (Meyer, 2007). AIC e BIC impõem penalidades de acordo com o número de parâmetros a serem estimados e são definidos como segue: $AIC = -2\ln L + 2p$ e $BIC = -2\ln L + p \ln [N - r(X)]$ em que $\ln L$ = é o máximo do logaritmo da função de verossimilhança; p = número de parâmetros estimados; N = número de observações; $r(X)$ = posto da matriz de incidência dos efeitos fixos do modelo.

Os resultados obtidos pelos MRA ajustados por funções B-splines, foram comparados com o melhor modelo (1 a 12) obtido utilizando polinômios ortogonais de Legendre.

4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A estatística descritiva sobre a média de peso ($\bar{X}$), desvio padrão de pesos (σ), coeficiente de variação (CV) e o erro padrão da média (EP) considerados nos estudos são apresentados na (Tabela 5). Observa-se, que houve um aumento nas médias dos pesos, entre as classes de idades ajustadas para as idades padrão estabelecidas, sendo mais acentuado esse reajuste entre as idades de P_{120} a P_{210} , que correspondem o período compreendido entre a pré-desmama e a desmama. O que pode ser justificado, pelo período de maior crescimento dos animais aliado ao consumo de leite materno e alimento concentrado.

As médias de peso nas respectivas idades foram de 131,6 kg (P_{120}), 221,6 kg (P_{210}), 313,9 kg (P_{365}) e 380,6 kg (P_{450}) indicando uma variação conforme o aumento da idade. Já os desvios-padrão apresentaram um aumento com a idade, acompanhando o aumento do peso médio. Constatou-se, também, que P_{210} foi o que apresentou um maior coeficiente de variação, justificado pela fase (período de desmame) que esses animais se encontram, na qual passam por um momento muito estressante, o que acarreta em maiores oscilações de pesos. Já o erro padrão da média tendeu a aumentar ao longo da idade dos animais, acompanhando também os desvios padrões conforme comentado.

Tabela 5. Média de pesos ($\bar{X}$), desvio-padrão (σ), coeficiente de variação (CV) e erro padrão da média (EP) para pesos ajustados a diferentes idades padrão.

Pesos (idades)	$\bar{X}$ (kg)	σ (kg)	CV (%)	EP (kg)
P_{120}	131,6	30,6	23,25	0,11
P_{210}	221,6	61,4	25,81	0,25
P_{365}	313,9	81,2	25,44	0,43
P_{450}	380,6	89,1	23,41	0,57

P_{120} , P_{210} , P_{365} e P_{450} = pesos ajustados para 120, 210, 365 e 450 dias de idade.

As informações sobre as análises unicaracterísticas para as quatro características estudadas e o resultado do teste de LRT para os modelos (B_1 , B_2 e B_3), são apresentados na Tabela 6. Verificou-se, que o modelo B_2 , quando comparado com o modelo B_1 , foi estatisticamente significativo ($p < 0,01$) em todas as características estudadas, ou seja, a presença do efeito aleatório genético aditivo materno no modelo propiciou um melhor ajuste.

Já os resultados do modelo B_3 (modelo mais completo) quando comparado com o modelo B_2 foram estatisticamente significativos ($p < 0,01$) em todas as características analisadas pelo teste LRT. Esses aspectos indicam que a decomposição do “componente materno” em genético aditivo materno e de ambiente permanente materno resulta em melhorias no ajuste das características estudadas. Esses resultados sugerem também, que após a fase de aleitamento dos animais, ou seja, no período superior ao desmame (P_{210}), os efeitos maternos continuam afetando o peso, demonstrando, sua importância no modelo.

Mota et al. (2013) trabalhando com modelos similares a (B_1 e B_2 e B_3) para peso ajustados aos P_{100} , P_{205} , P_{365} , P_{450} e P_{550} dias em bovinos da raça Simental, encontraram resultados significativos ($P < 0,01$) para os efeitos aleatórios, utilizando um modelo completo (B_3) com exceção para a característica P_{550} . Os autores verificaram também, de modo geral, que a influência dos efeitos maternos continua mesmo após a fase de aleitamento dos animais, e que a inclusão desses efeitos no modelo é importante. Meyer et al. (2004), afirmaram que o ambiente materno pode influenciar o bezerro tanto na fase de pré-desmame como no sobreano, onde inclusive, o efeito pode ser alterado devido ao manejo proporcionado aos animais. Menezes et al. (2013), ao trabalharem com bovinos da raça Tabapuã, também relataram a importância e a sua influência desde o nascimento até os 600 dias de idade.

De acordo com Meyer (2005a), modelos que não levam em consideração os efeitos maternos conduzem a super-estimativas da herdabilidade direta. Dessa forma, com os resultados encontrados nesse trabalho, sugere-se utilizar os efeitos maternos nos modelos de avaliação genética para obtenção de parâmetros genéticos mais acurados para pesos durante o crescimento, inclusive após a desmama.

Tabela 6. Resultado do teste de razão de verossimilhança (LRT) de acordo com os modelos (B₁, B₂ e B₃) para as respectivas características em análises unicaracterísticas.

LRT = 2Log_eL_c - 2Log_eL_r			
Pesos (idades)	(Modelo B₂ com B₁)	(Modelo B₃ com B₂)	(Modelo B₃ com B₁)
	B₂ x B₁	B₃ x B₂	B₃ x B₁
P₁₂₀	10,32**	6,76**	13,45**
P₂₁₀	9,43**	5,38**	17,42**
P₃₆₅	7,15**	6,46**	5,22**
P₄₅₀	1,98**	6,12**	2,11 ^{ns}

P₁₂₀, P₂₁₀, P₃₆₅ e P₄₅₀ = pesos ajustados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade; c = completo; r = reduzido; Log_eL = logaritmo da função de verossimilhança; B₁ = modelo contendo somente o efeito aleatório genético aditivo direto do animal; B₂ = modelo contendo efeito genético aditivo direto do animal + efeito genético aditivo materno; B₃ = modelo contendo efeito aleatório genético aditivo direto do animal + efeito genético aditivo materno + efeito de ambiente permanente materno; ** = significativo a 1% de probabilidade; ns = não significativo.

No estudo das ordens dos modelos de regressão aleatória (MRA) para estimar qual melhor polinômio que se ajusta a curva de crescimento em bovinos da raça Nelore, verificou-se, que os modelos de maiores ordens propiciaram maiores valores de Log_eL e menores de AIC e BIC, o que indica que esses apresentam melhores ajustes (Tabela 7).

Com base nos resultados de Log_eL, AIC e BIC constata-se, que o modelo (6) e o modelo (12) com K_a = 3 e K_a = 4 para os efeitos fixos, K_b = 4 para efeitos genético aditivo direto do animal, K_c = 4 para efeitos genético aditivo materno, K_d = 4 para efeito de ambiente permanente de animal, K_e = para efeito de ambiente permanente materno propiciaram melhores ajustes para modelar o peso ao longo trajetória de crescimento. No entanto, nota-se, que esse modelo é o mais parametrizado.

Mota et al. (2013), em trabalho com MRA com bovinos de corte da raça Simental verificaram resultados semelhantes com relação aos valores de Log_eL que de modo geral, foram altos para modelos mais parametrizados, no entanto, alguns modelos com altas ordens com maior número de parâmetros, apresentaram valores menores do Log_eL. Em relação, aos AIC e BIC, tais autores verificaram uma tendência de menores valores em modelos mais parametrizados e com maiores ordens, contudo, nem sempre o aumento no número de parâmetros promoveu modelos mais adequados.

Jamrozik & Schaeffer (2002), ao avaliarem diferentes MRA para estimar funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos da raça Holandesa,

constatarem que diferentes critérios podem ser utilizados para classificar um determinado modelo ou seja ainda é pouco claro qual critério estatístico é o mais adequado.

De acordo, também, com a Tabela 7, o teste LRT indicou que os modelos avaliados diferiram estatisticamente entre si e o modelo completo apresentou melhor ajuste em comparação ao modelo reduzido, ou seja, o modelo (6) – com 40 parâmetros e o modelo (12) – com 41 parâmetros, diferiram dos demais.

Alguns autores como Lobo et al. (2000) e Albuquerque et al. (2004) estudando a modelagem da curva de crescimento em bovinos de corte, através de polinômios ortogonais de Legendre, afirmaram que os modelos parcimoniosos são os preferíveis, ou seja, deve-se dar preferência a modelos que envolvam o mínimo de parâmetros possíveis a serem estimados e que expliquem bem o comportamento da variável resposta. Outro aspecto, positivo é que, segundo Meyer (2005b), haveria menor demanda computacional envolvida nas análises e consequente menor susceptibilidade a erros numéricos.

Dessa forma, como o modelo (6) apresentou um menor número de parâmetros em relação ao modelo (12), aliado, também, a um maior valor de $\text{Log}_e L$ e menor de AIC e BIC como já citado inicialmente, optou-se, pela escolha desse modelo no presente estudo.

Tabela 7. Ordem do polinômio (OP) para os efeitos fixos (K_a), genético aditivo direto do animal (K_b), genético aditivo direto materno (K_c), de ambiente permanente direto (K_d), de ambiente permanente materno (K_e); número de parâmetros (NP); Logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$); Critério de Informação de Akaike (AIC); Critério de Informação Bayesiano (BIC) e Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) para diferentes modelos considerando-se homogeneidade de variâncias residuais em bovinos da raça Nelore.

X	OP					NP	$\text{Log}_e L$	AIC	BIC	LRT	Comp. ⁽¹⁾
	K_a	K_b	K_c	K_d	K_e						
1	3	3	2	2	2	27	-134.235,9	134.899,3	134.810,1	475,2**	(1-6)
2	3	3	3	3	2	29	-134.404,5	134.743,2	134.287,2	812,4**	(2-6)
3	3	2	4	3	3	28	-134.931,3	133.697,1	134.241,8	1866,0**	(3-6)
4	3	2	3	4	3	32	-134.526,2	134.099,3	134.010,6	1055,8**	(4-6)
5	3	2	4	4	4	33	-134.404,2	134.043,4	134.087,0	811,8**	(5-6)
6	3	4	4	4	4	40	-133.998,3	133.338,4	133.716,8	-	-
7	4	3	2	2	2	27	-134.456,7	134.594,9	134.902,6	897,2**	(7-12)
8	4	2	2	3	2	28	-134.236,5	134.299,7	134.510,2	456,8**	(8-12)
9	4	2	2	3	3	29	-134.104,6	134.143,8	134.287,1	193,0**	(9-12)
10	4	3	3	4	3	30	-134.091,9	134.097,5	134.040,1	167,6**	(10-12)
11	4	2	4	4	4	33	-134.089,1	134.194,1	134.058,2	162,0**	(11-12)
12	4	4	4	4	4	41	-134.008,1	134.038,3	134.001,4	-	-

**Significativo a 1% de probabilidade; ⁽¹⁾ Comp. = Comparações entre os modelos (entre parênteses) pelo teste LRT; X = modelos utilizados.

Observa-se, que nos 12 modelos estudados até o presente momento, se considerou a homogeneidade de variâncias residuais. Todavia, é importante avaliar a necessidade de se considerar a heterogeneidade de variâncias residuais ao longo da idade, pois a sua inclusão poderá promover melhorias na partição da variância total e com isso, estimativas mais pontuais dos componentes de (co) variância e parâmetros genéticos (Tabela 8).

Verificou-se, que o modelo que considera homogeneidade de variâncias residuais (CL₁) obteve o pior ajuste dentre todos os modelos avaliados, indicando que a variância residual tem comportamento diferente no decorrer da trajetória de crescimento. Esses resultados são semelhantes aos encontrados por (Meyer et al., 2005d; Mota et al., 2013 e Menezes et al., 2013) em trabalhos com bovinos de corte da raça Nelore, Simental e Tabapuã na qual os autores comentam que ao assumir homogeneidade de variâncias residuais ao longo da curva de

crescimento pode criar distorções consideráveis na partição da variância total, uma vez que a variância residual é influenciada por muitos fatores que podem diferir ao longo do crescimento.

Observa-se, também, que a medida se aumentou o número de classes de resíduos houve uma melhora no ajuste do modelo (6) de acordo com os critérios utilizados. O modelo CL₄ que agrupou quatro classes de idade: 60-149, 150-299, 300-419 e 420-499 dias, foi o mais indicado nesse estudo, pois, foi o que apresentou maior valor de Log_eL, menores de AIC e BIC e significância (P<0,01) para o teste LRT. Dessa forma, a inclusão de classes de variâncias residuais, poderá promover um incremento na variância genética aditiva direta, gerando estimativas mais acuradas das herdabilidades.

Tabela 8. Classes de variâncias residuais para o modelo - 6 (Leg34444) considerando Log_eL, AIC, BIC e LRT para os polinômios ortogonais de Legendre em bovinos de corte.

Classe de variância (Modelo 6)	NP	Log _e L	AIC	BIC	LRT	Comp. ⁽¹⁾
CL ₁	40	-133.998,3	133.338,4	133.716,8	436.88**	(1-4)
CL ₂	41	-133.739,3	133.270,2	133.699,3	843,1**	(2-4)
CL ₃	42	-133.682,4	133.222,3	133.512,6	729,4**	(3-4)
CL ₄	43	-133.317,7	133.118,7	133.477,9	-	-

Nas Figuras (1, 2, 3, 4 e 5), estão apresentadas as estimativas de variância genética aditiva direta do animal (σ_{gad}^2), variância genética aditiva materna (σ_{gam}^2), variância de ambiente permanente materno (σ_{pm}^2), variância fenotípica (σ_F^2) e variância residual composta (σ_{rc}^2) para os modelos multicaracterístico e MRA (modelo 6), sendo que a σ_{rc}^2 do MRA foi calculada da seguinte forma: $\sigma_{rc}^2 = \sigma_{pd}^2 + \sigma_r^2$ e a para o modelo multicaracterístico a $\sigma_{rc}^2 = \sigma_r^2$, sendo σ_r^2 = Variância residual, conforme sugerido por (Menezes et al., 2010). De acordo com esses autores o cálculo da σ_{rc}^2 é importante, pois, equivale em um MRA a σ_r^2 estimada para o modelo multicaracterístico.

Observa-se, que as estimativas de σ_{gad}^2 em bovinos de corte para o MRA e o modelo multicaracterístico foram crescentes e similares para pesos dos 120 aos 450 dias de idade (Figura 1). Esses resultados foram semelhantes aos encontrados por Dias et al. (2005) e Silva et al. (2000), que encontraram estimativas de σ_{gad}^2 para pesos semelhantes e crescentes do nascimento aos 450 dias de idade, em trabalho com bovinos de corte, avaliando a curva de

crescimento usando modelos multicaracterísticos e MRA ajustados por polinômios ortogonais de Legendre.

Mota et al. (2013) e Boligon et al. (2007), em estudo sobre a curva de crescimento de bovinos de corte da raça Simental e nelore, respectivamente, para pesos nas idades de P₁₀₀, P₂₀₅, P₃₆₅, P₄₅₀ e P₅₅₀ dias de idade, usando MRA ajustados por polinômios ortogonais de Legendre e modelos multicaracterísticos, também relataram estimativas de σ_{gad}^2 crescentes dos 100 aos 550 dias de idade. De acordo com os autores o efeito de escala é um dos fatores que contribuem para esses valores de σ_{gad}^2 crescentes de peso ao longo da curva de crescimento, porque, em idades mais elevadas os pesos normalmente são de maior magnitude o que pode ser evidenciado nesse trabalho também.

Já Menezes et al. (2013) e Sakaguti et al. (2002) em trabalho com MRA e multicaracterístico com bovinos da raça Tabapuã verificaram valores semelhantes a esse trabalho, no entanto, uma queda acentuada da σ_{gad}^2 após os 365 dias de idade foi observada, sendo justificada pelo menor número de registros de pesos disponíveis no banco de dados a partir dessa faixa de idade estudada, o que pode ter comprometido a estimação correta da variância genética direta do animal.

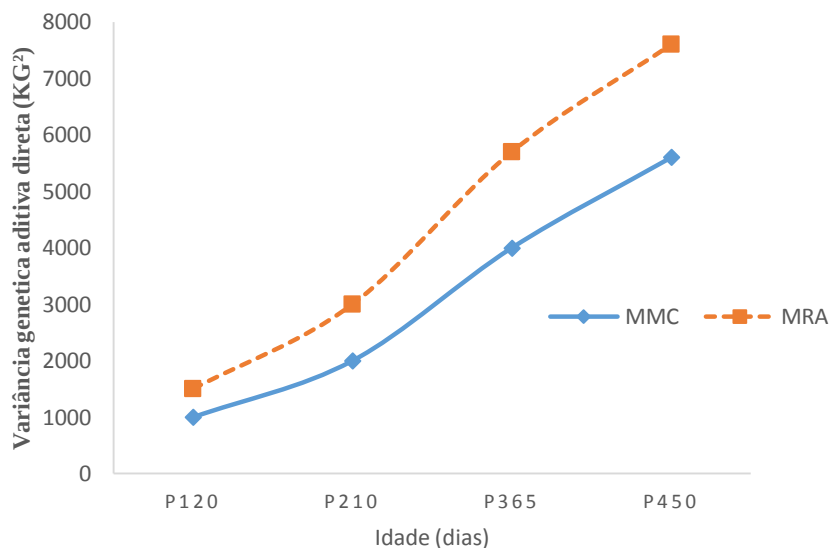


Figura 1 - Estimativas de variância genética aditiva direta do animal (σ_{gad}^2) em modelos de regressão aleatória e multicaracterístico em bovinos de corte da raça Nelore.

As estimativas de σ_{gam}^2 encontradas nesse trabalho foram divergentes nos MRA e multicaracterístico (Figura 2). Dos 120 aos 210 dias de idade, houve um leve aumento na variância para o modelo multicaracterístico e uma pequena diminuição para o MRA. Meyer et

al. (2010), em trabalho com bovinos de corte da raça Nelore, com modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória, verificaram resultados contrários nesse estudo para esse mesmo período, observando um aumento da σ_{gam}^2 para ambos os modelos. Tais autores justificaram esse aumento em virtude de uma maior influência materna que existe nesse período de vida do animal afetando de forma direta ambos os modelos. Nesse trabalho, o pequeno decréscimo da variância para o MRA pode ser justificado, em virtude dos MRA apresentarem problemas no ajuste da função polinomial em extremidades da curva (Ex:120 a 210 dias de idade), podendo não estimar componentes de variâncias genéticas condizentes com a realidade biológica.

(Alencar et al., 2004; Arango et al., 2004 e Mota et al., 2013) em estudo com bovinos de corte, tanto da raça Nelore quanto Simental, verificaram resultados semelhantes a esse trabalho, sendo que os autores, encontraram uma diminuição da σ_{gam}^2 para o MRA na pré-desmama e desmama, períodos esses compreendidos pela faixa de (100 a 205 dias de idade). Sendo justificadas pela partição dos efeitos maternos em efeitos genéticos e ambientais, que apresentaram dificuldades em análises unicaracterísticas, concluindo-se, portanto, que esse problema pode ter sido incrementado nos MRA, aliado ao modo de ajuste (polinômios ortogonais de legendre com $K_c=4$).

A partir dos 210 dias de idade, foi observado um acréscimo em ambos os modelos, no entanto, uma tendência de constância foi observada a partir 365 dias de idade, para o MRA. Resultados semelhantes foram relatados por Laureano et al. (2011), na qual em trabalho com modelos multicaracterísticos em bovinos de corte, observaram um crescimento leve e constante a partir dos 210 dias de idade no decorrer da curva de crescimento. Já Nobre et al. (2003a), em trabalho com MRA em bovinos de corte da raça Nelore, verificaram estimativas de σ_{gam}^2 semelhantes a esse trabalho, com crescimento a partir dos 210 dias de idade e tendendo a uma constância a partir dos 365 dias.

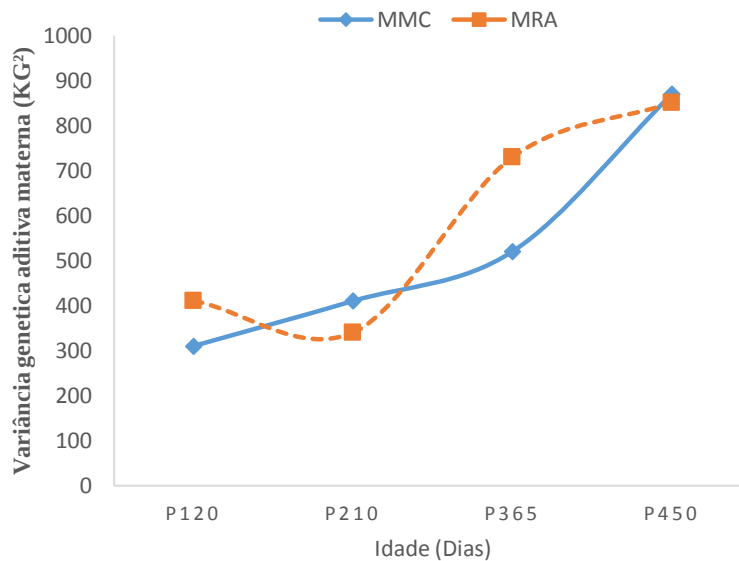


Figura 2- Estimativas de variância genética aditiva materna (σ_{gam}^2) em modelos de regressão aleatória e multicaracterístico em bovinos de corte da raça Nelore.

Com relação a σ_{pm}^2 , as estimativas foram semelhantes em ambos os modelos, com crescimento mais acentuado para o MRA principalmente após os 365 dias de idade (Figura 3). Nota-se, que os resultados acentuados após 365 dias não são condizentes com uma realidade biológica, que pode ser justificado provavelmente pelo baixo número de registros nesse período, aliado também a um menor número médio de filhos por mãe nascidos na idade adulta, que nesse trabalho foi de 1,32. Menezes et al (2013) em trabalho com curva de crescimento em bovino da raça Tabapuã obtiveram um aumento acentuado das estimativas de σ_{pm}^2 a partir dos 360 dias de idade, sendo justificadas pela baixo número de filhas por vaca (média de 1,55).

Já Mota et al. (2013) e Rosa et al. (2000), ao trabalharem com bovinos da raça Simental e Guzerá com MRA e modelo multicaracterístico com dados que continham número médio de filhos por vaca de (1,3 e 1,6) do nascimento à idade adulta, verificaram que as estimativas do efeito de ambiente permanente materno, foi praticamente igual a zero. Talhari et al. (2003) e Shaeffer et al. (2004), também encontraram estimativas tendendo a zero para o efeito de ambiente permanente materno, em animais da raça Guzerá e Canchim, ao trabalharem com número médio de filhos, por vaca, inferior a 2.

Portanto, esses resultados sugerem se trabalhar com um número maior de filhos por mãe para que haja estimativas mais acuradas das variâncias de efeito de ambiente permanente materno.

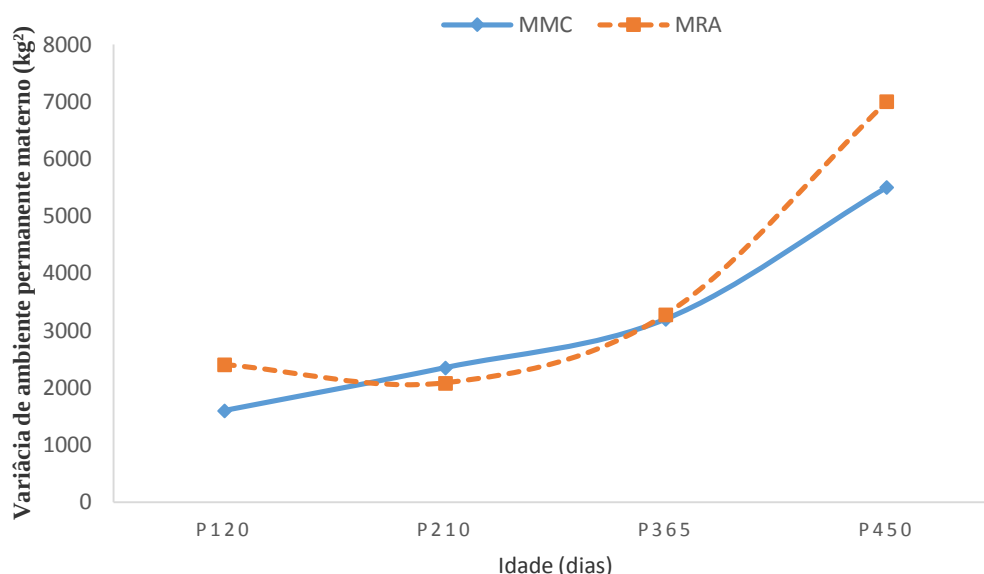


Figura 3- Estimativas de variância de ambiente permanente materno (σ_{pm}^2) em modelos de regressão aleatória e multicaracterístico em bovinos de corte da raça Nelore.

Como pode ser observado na Figura 4, houve aumento na variância fenotípica (σ_f^2) ao longo da trajetória de crescimento, tanto para as análises multicaracterísticas quanto para o MRA. Esse aumento foi atribuído, principalmente, devido à progressão da variância genética aditiva direta (σ_{gad}^2), ao longo da curva de crescimento e também, pelo fato de que em idades mais elevadas os pesos normalmente são de maior magnitude, devido ao efeito escala, já comentado anteriormente nesse trabalho. Resultados semelhantes foram encontrados por Meyer (2004), Mota et al. (2013) e Nobre et al. (2003), que ao trabalharem com bovinos da raça Nelore, Simental e Guzerá, respectivamente, via modelos multicaracterísticos e MRA, observaram estimativas crescentes para ambos os modelos com tendência mais acentuada a partir dos 210 dias.

Mello et al. (2006), ao trabalharem com bovinos da raça Canchim, observaram resultados semelhantes ao desse trabalho, com aumento das estimativas de (σ_f^2) de mesma magnitude ao longo da curva de crescimento para pesos avaliados nas respectivas idades estudadas. Tais autores observaram também um incremento mais acentuado da variância a partir dos 460 dias de idade e de mesma magnitude, tanto em modelos multicaracterísticos quanto MRA.

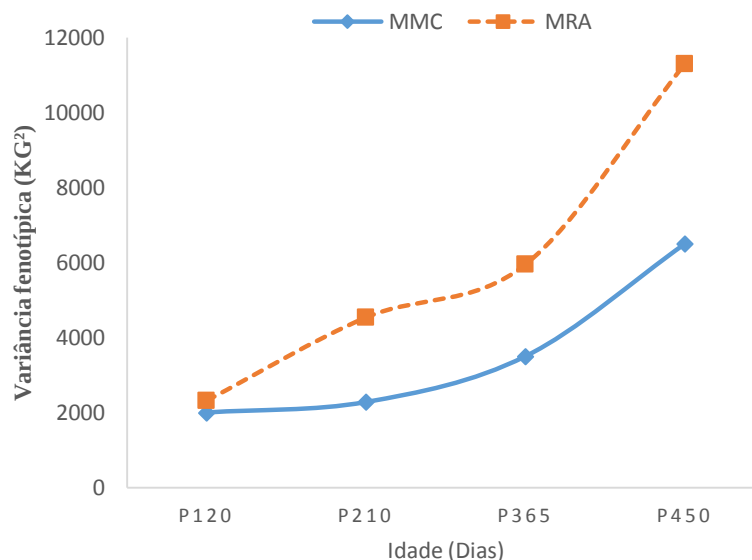


Figura 4- Estimativas de variância fenotípica (σ_f^2) em modelos de regressão aleatória e multicaracterístico em bovinos de corte da raça Nelore.

As estimativas de σ_{rc}^2 para ambos os modelos estudados, de modo geral, tiveram tendências semelhantes a partir dos 365 dias (Figura 5). Nota-se, que para o modelo multicaracterístico, as variâncias residuais compostas aumentaram até os 210 dias, quando um leve decréscimo ocorreu até os 365 dias, sendo que a partir desse período um novo aumento acentuado se estabeleceu. Para o MRA observa-se, uma queda entre o período da pré-desmama e desmama (P_{210}), sendo que posteriormente estimativas crescentes em magnitudes foram encontradas, que pode ser justificada pelo maior número de registros de peso no período de P_{210} .

Figueiredo et al. (2004), Iwasaki et al. (2005), e Martins et al., (2000) em trabalho com bovinos de corte também encontraram, de modo geral, estimativas de σ_{rc}^2 crescentes ao longo da trajetória de crescimento. Tais autores encontraram uma leve queda na variância para o período inicial justificada pela divergência do número de registros próximos a idade estudada (205 dias), em relação ao período inicial de (100 dias), acarretando, portanto, uma queda no valor residual como observada também nesse trabalho.

Com relação ao MRA, resultados não compreendidos dentro de uma realidade biológica foram diagnosticados a partir dos 365 dias de idade, sendo provável que tenham acontecido pelo pequeno número de registros disponíveis nesse período, como já comentado anteriormente.

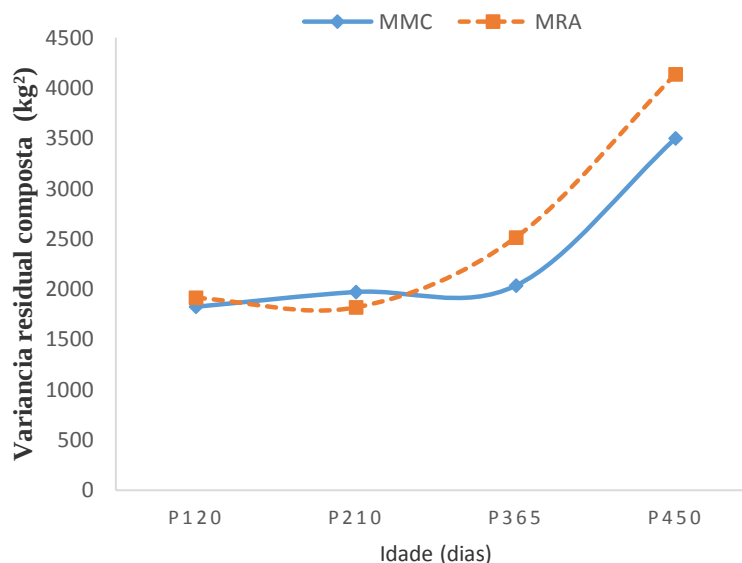


Figura 5 - Estimativas de variância residual composta (σ_{rc}^2) em modelos de regressão aleatória e multicaracterístico em bovinos de corte da raça Nelore.

Com relação as estimativas de herdabilidades direta (h^2_d), para P₁₂₀, P₂₁₀, P₃₆₅ e P₄₅₀, notou-se que de maneira geral, foram semelhantes em ambos os modelos, com estimativas variando de (0,09 a 0,28) e (0,15 a 0,39) (Tabela 9). Esses resultados estão de acordo com os encontrados por Silva et al. (2013) que em trabalho com bovinos da raça nelore encontraram valores que variaram de 0,10 a 0,11 e aumentaram até chegar ao valor máximo de 0,35 a 0,36 na idade adulta (sobreano) utilizando MRA e modelos multicaracterísticos.

Para P₁₂₀, os modelos estudados apresentaram estimativas de h^2_d de (0,09 e 0,15). Esses valores estão dentro do intervalo mencionado por Laureano et al. (2011), de (0,05 a 0,58) para peso aos 120 dias, em um trabalho de revisão para as características de crescimento na espécie zebuína. Já para P₂₁₀ as estimativas de h^2_d foram de 0,13 para o modelo multicaracterístico e 0,16 para MRA. Essas estimativas de h^2_d estão dentro do intervalo de valores relatados por Souza et al. (2011) e Araujo et al. (2006), que variaram de (0,12 a 0,73).

Foram encontrados, para P₃₆₅, valores de h^2_d de (0,23 e 0,31) para os modelos multicaracterístico e MRA, respectivamente, sendo que esses valores de h^2_d estão coerentes com os citados na literatura por (Mello et al., 2006; Garneiro et al., 2010 e Laureano et al., 2011), que variaram de 0,21 a 0,31.

Rumph et al. (2002) em trabalho com bovinos da raça Hereford utilizando modelos multicaracterísticos encontraram estimativas semelhantes para os valores de h^2_d para P₁₂₀, P₂₁₀, P₃₆₅ e P₄₅₀, respectivamente iguais a 0,08, 0,12, 0,20 e 0,24. Em relação aos MRA, as

estimativas de h^2_d encontradas foram, de modo geral, superiores às reportadas por Cobuci et al. (2004) que em trabalho com bovinos da raça Holandês, ao utilizarem um polinômio de terceira ordem (grau dois) para o efeitos fixos e aleatórios, encontraram valores de h^2_d iguais a 0,07, 0,15, 0,12 e 0,07 em intervalos que compreendem, respectivamente, as idades aos 100, 205, 365 e 450 dias.

De acordo com a Figura 6, podemos observar, também, que o MRA promoveu as maiores estimativas de h^2_d na fase adulta do animal. Esses resultados encontrados nesse trabalho, sugerem que maiores ganhos genéticos anuais podem ser alcançados caso a seleção seja realizada considerando pesos tomados mais tardiamente na vida do animal.

Os valores de herdabilidades materna (h^2_m) encontradas para P_{120} , P_{210} , P_{365} e P_{450} , neste estudo, foram de baixa magnitude e apresentaram uma mesma tendência, com estimativas variando de (0,01 a 0,03) e (0,08 a 0,11) como pode ser verificado na Tabela 9. De maneira geral, para ambos os modelos estudados houve um comportamento crescente desde a fase do pré-desmame (P_{120}) até à desmama (P_{210}) com queda ligeira a partir dos 365 dias até à idade adulta (Figura 7). Resultados semelhantes ao do presente estudo foram encontrados por Souza et al. (2011) e Silva et al. (2013) que encontraram estimativas máximas do desmame até a fase adulta em torno dos 400 dias de idade e nova queda gradual, até o final da trajetória estudada, respectivamente, em bovinos de corte.

Observa-se, também, que da mesma forma como aconteceu para as estimativas de h^2_d àquelas estimadas via MRA, foram em tese, superiores. Menezes et al. (2013), e Mota et al. (2013) ao trabalharem com bovinos corte encontraram estimativas de herdabilidades materna, em geral, superiores para MRA quando comparados aos modelos multicaracterísticos. Esses resultados de h^2_m encontrados no presente estudo destacam a importância desse efeito na bovinocultura de corte, principalmente na fase de crescimento.

Sakaguti et al. (2002) também confirmaram a importância desses efeitos oriundos das mães principalmente na fase de crescimento, justificado pelo fato desses efeitos proporcionarem um ambiente ideal à suas proles para seu desenvolvimento. Além disso, esses efeitos podem proporcionar as mães uma variação em relação à sua produção de leite, capacidade de defesa ou busca por alimentos.

Em relação às variâncias de ambiente permanente materno (σ^2_{pm}) estimadas como proporções da variância fenotípica σ^2_f nota-se, de forma geral, que as magnitudes foram baixas, variando de (0,07 a 0,11) e (0,02 a 0,08) conforme a (Tabela 9). Observa-se, na Figura 8 para ambos os modelos, uma mesma tendência dos 210 dias até os 365 dias, o que indica que o

efeitos causado pelo ambiente maternal entre a pre-desmama e desmama não se diluíram para esse intervalo. Meyer et al. (2005a) encontraram estimativas semelhantes ao esse trabalho, com σ_{pm}^2 crescentes ao longo da vida do animal para o MRA.

Já para as variâncias residuais compostas (σ_{RC}^2) estimadas como proporções da variância fenotípica (σ_f^2) observou-se, valores próximos, de médias magnitudes, que variaram de (0,60 a 0,79) e (0,39 a 0,68) para modelos multicaracterísticos e MRA (Tabela 9). Notou-se, conforme a Figura 9 que modelos multicaracterísticos apresentou valores superiores ao MRA em toda a trajetória de crescimento. Esse aspecto, indica uma qualidade superior de ajuste do MRA sendo justificada em virtude das menores proporções de σ_{pm}^2 , que foram observadas ao longo da curva de crescimento. Araujo et al. (2006) e Laureano et al. (2011) em trabalho com bovinos de corte também encontraram estimativas semelhantes a esse trabalho com σ_{pm}^2 superiores para modelo multicaracterísticos.

Tabela 9. Estimativas de herdabilidade direta (h^2_d), herdabilidade materna (h^2_m) e proporções das variâncias de efeito de ambiente permanente materno ($P\sigma_{pm}^2$) e variância residual composta ($P\sigma_{RC}^2$), em relação à variância fenotípica total (σ_f^2), obtidas para os modelos multicaracterístico e de regressão aleatória (entre parênteses) para os pesos aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade em bovinos da raça Nelore.

Pesos	*h^2_d	*h^2_m	*$P\sigma_{pm}^2$	*$P\sigma_{RC}^2$
P₁₂₀	0,09 (0,15)	0,02 (0,08)	0,08 (0,02)	0,79 (0,68)
P₂₁₀	0,13 (0,16)	0,03 (0,11)	0,07 (0,05)	0,74 (0,65)
P₃₆₅	0,23 (0,31)	0,01 (0,09)	0,08 (0,07)	0,68 (0,43)
P₄₅₀	0,28 (0,39)	0,01 (0,08)	0,11 (0,08)	0,60 (0,39)

P₁₂₀, P₂₁₀, P₃₆₅ e P₄₅₀ = pesos ajustados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade; * Médias para análises bicaracterísticas para o modelo multicaracterístico.

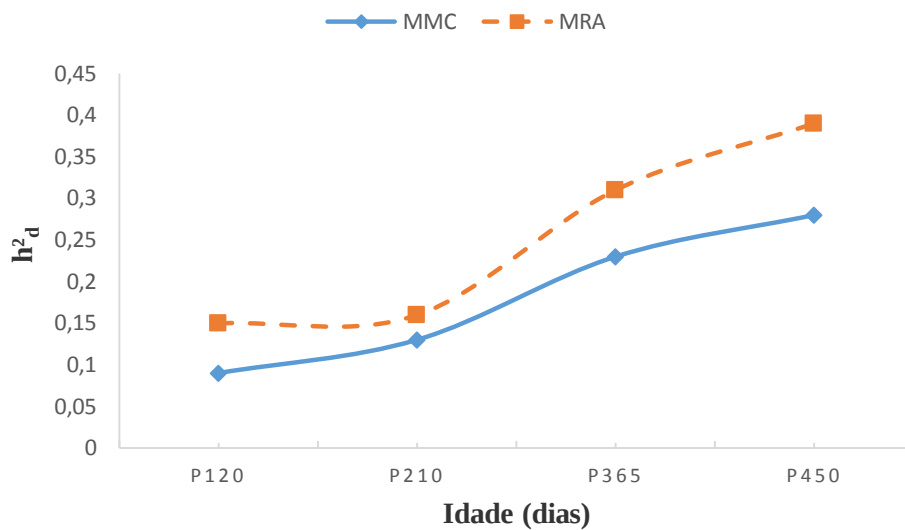


Figura 6- Estimativas de h^2_d para o modelo multicaracterístico e modelos de regressão aleatória e em bovinos de corte da raça Nelore.

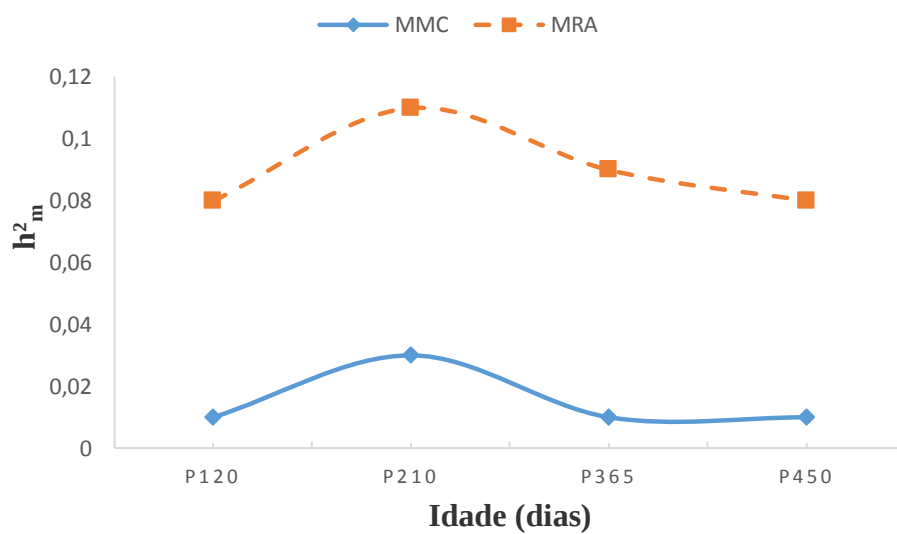


Figura 7- Estimativas de h^2_m para o modelo multicaracterístico e de regressão aleatória em bovinos de corte da raça Nelore.

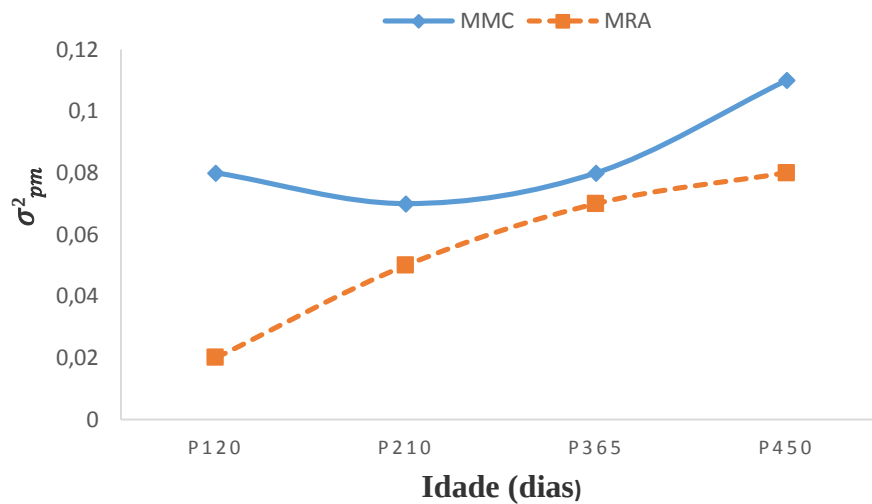


Figura 8- Estimativas das σ^2_{pm} como proporções da variância fenotípica (σ^2_f) para o modelo multicaracterístico e de regressão aleatória em bovinos de corte da raça Nelore.

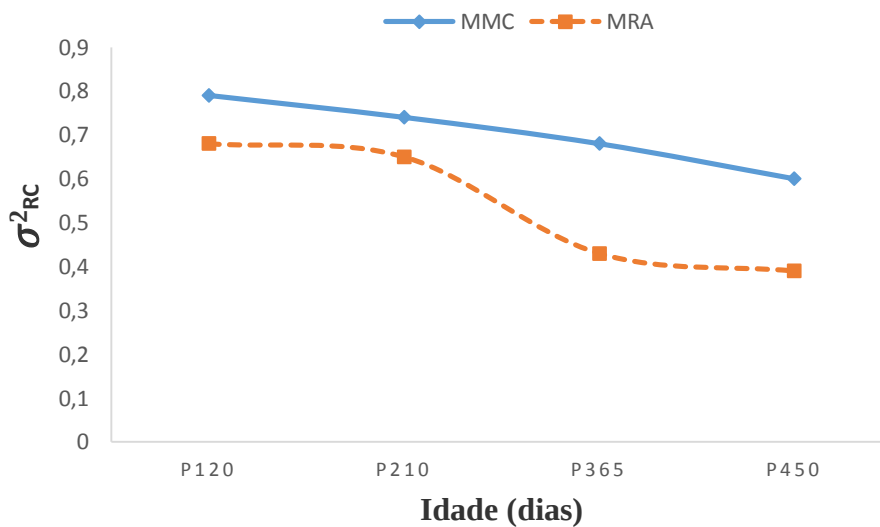


Figura 9- Estimativas das σ^2_{RC} como proporções da variância fenotípica (σ^2_f) para o modelo multicaracterístico e de regressão aleatória em bovinos de corte da raça Nelore.

Conforme a Tabela 10 as estimativas de correlações genéticas aditivas diretas (r_{gad}) de P₁₂₀ x P₂₁₀; P₁₂₀ x P₃₆₅; P₁₂₀ x P₄₅₀ obtidas via MRA foram negativas e de média magnitude com valores variando de (-0,42 a -0,33). Resultados semelhantes foram obtidos por Meyer et al. (2005d) em trabalhos com bovinos de corte, na qual encontraram estimativas negativas de r_{gad} para pesos entre idades semelhantes a esse estudo. Tais autores justificaram esses valores negativos devido

a problemas oriundos da função polinomial, uma vez que correlações entre essas medidas são predominantemente positivas, já que o peso dos animais é o resultado da soma acumulada do ganho ao longo da vida, criando uma dependência estrutural entre os mesmo.

Já essas mesmas correlações obtidas via modelos multicaracterístico foram positivas e com alta magnitude com valores variando de 0,71 a 0,94. Notou-se, também, que as estimativas de r_{gad} obtidas para $P_{210 \times 365}$; $P_{210 \times 450}$ e $P_{365 \times 450}$ foram positivas e com alta magnitude com valores variando de (0,79 a 0,93) para o MRA e de (0,91 a 0,95) para modelos multicaracterístico.

Os resultados encontrados para as r_{gad} , tanto para MRA quanto modelos multicaracterístico estão dentro da faixa de valores encontrados na literatura (Silva et al., 2000; Sakaguti et al., 2002; Siqueira et al., 2003; Mello et al., 2006; Souza et al., 2011) ao estimarem correlações genéticas em bovinos de corte, encontraram, em geral, estimativas positivas variando de média a alta, indicando que parte dos genes de ação aditiva que influenciam uma característica, também influenciam as outras.

Em relação às correlações fenotípicas (r_p) conforme a Tabela 10, observou-se, que para o MRA as estimativas foram de baixa a média magnitude com valores variando de (0,11 a 0,82), já para modelos multicaracterístico esses valores foram de média a alta magnitude com valores variando de (0,40 a 0,93), sendo que as r_p obtidas nos modelos multicaracterístico foram de maior magnitude em relação à MRA.

Notou-se, também, que as r_p estudadas tenderam, de maneira geral, a serem maiores em idades mais próximas. Meyer, (2005a), Boligon et al. (2010) e Gonçalves et al. (2011) ao estimarem correlações fenotípicas para peso em bovinos de corte, verificaram um aumento na magnitude das correlações à medida que as idades se aproximavam. Porém, esse aspecto não foi notado para as r_p de $P_{120 \times 210}$; $P_{120 \times 365}$; $P_{120 \times 450}$, o que pode ser justificado pelo comportamento das r_g já mencionados anteriormente nesse estudo.

Tabela 10. Estimativas de correlações genéticas aditivas diretas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) obtidas via modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória (entre parênteses), para pesos aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade.

Pesos	P ₁₂₀	P ₂₁₀	P ₃₆₅	P ₄₅₀
P ₁₂₀	-	0,91 (-0,33)	0,94 (-0,39)	0,71 (-0,42)
P ₂₁₀	0,73 (0,32)	-	0,94 (0,79)	0,95 (0,80)
P ₃₆₅	0,40 (0,22)	0,57 (0,60)	-	0,91 (0,93)
P ₄₅₀	0,49 (0,11)	0,55 (0,61)	0,93 (0,82)	-

P₁₂₀, P₂₁₀, P₃₆₅ e P₄₅₀ = pesos ajustados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade; () = estimativas via modelos de regressão aleatório – MRA – modelo 6.

As correlações genéticas aditivas maternas (r_{gam}) apresentaram estimativas semelhantes para as idades avaliadas, com magnitudes de média a alta variando de (0,76 a 0,93) para o MRA e (0,74 a 0,93) para modelos multicaracterístico (Tabela 11). Essas estimativas estão dentro da faixa dos valores citados por Silva et al. (2000), Araujo et al. (2006) e Silva et al. (2013), na qual em trabalho com modelos multicaracterístico e MRA encontraram valores de (0,63 a 0,97).

Foi observado também, em ambos os modelos, valores de r_{gam} acima de 0,90 para ($P_{120 \times 210}$; $P_{120 \times 365}$; $P_{210 \times 365}$) considerados altos e semelhantes aos resultados obtidos por Menezes et al. (2010), que em trabalho com bovinos de corte encontram r_{gam} para $P_{120-240}$, $P_{120-360}$, e $P_{240-360}$ acima de 0,92. Esses autores explicaram que os efeitos genéticos aditivos maternos para essas idades podem estar sob influência dos mesmos genes, o que pode ser justificado também, no presente estudo.

Observou-se, ainda, que de maneira geral, apesar dos resultados semelhantes entre ambos os modelos, o MRA apresentou maiores valores o que pode ser justificado pelo fato da ausência de um pré-ajustamento dos pesos às idades padrão resultando em um potencial ganho em acurácia. Golçalvez et al. (2011) verificou resultados semelhantes em trabalho com dados simulados para bovinos de corte em programas de avaliação genética utilizando modelos multicaracterístico e MRA, concluiu que os MRA são mais acurados que os modelos multicaracterístico devido à melhor modelagem dos componentes de variância e parâmetros genéticos, além da eliminação de idades pré ajustadas.

Ainda na Tabela 11 estão apresentadas as estimativas de correlações de ambiente permanente materno (r_{apm}) para P_{120} , P_{210} , P_{365} e P_{450} em ambos os modelos. Foi observado, tanto para o MRA quanto para modelos multicaracterístico estimativas semelhantes e de altas magnitudes variando de (0,80 a 0,93) e (0,86 a 0,96) e respectivamente, para MRA e MMC sendo menores à medida que as idades se distanciaram.

Talhari et al. (2013) Meyer (2005c), Garneiro et al. (2010) e Mota et al. (2013) encontraram estimativas bem similares às encontradas nesse trabalho com bovinos de corte, sendo de maneira geral, estimativas de alta magnitude, variando de (0,82 a 0,94). Tais autores justificaram que esses valores altos de r_{apm} , indicam que os efeitos gerados pelo “ambiente” proporcionado pela mãe durante a fase de pré-desmama passa a ter um papel 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 11. Estimativas de correlações genéticas aditivas maternas (acima da diagonal) e correlações de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal) obtidas via modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória, para os pesos aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade.

Pesos	P ₁₂₀	P ₂₁₀	P ₃₆₅	P ₄₅₀
P ₁₂₀	-	0,93 (0,91)	0,89 (0,86)	0,74 (0,76)
P ₂₁₀	0,95 (0,91)	-	0,91 (0,93)	0,79 (0,80)
P ₃₆₅	0,94 (0,92)	0,96 (0,93)	-	0,80 (0,89)
P ₄₅₀	0,86 (0,80)	0,93 (0,91)	0,94 (0,90)	-

P₁₂₀, P₂₁₀, P₃₆₅ e P₄₅₀ = pesos ajustados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade; () = estimativas via MRA – modelo 6.

O resumo das análises dos modelos (A), função de regressão polinomial B-spline (BSX L, Q ou C), coeficientes de regressão aleatória (k_1 , k_2 e k_3), número de parâmetros (NP), nós, número de segmentos (N), Logaritmo da função de verossimilhança (Log_eL); Critério de Informação de Akaike (AIC); Critério de Informação Bayesiano (BIC) para diferentes modelos considerando homogeneidade de variâncias residuais em bovinos da raça nelore é apresentado na (Tabela 12).

De forma geral, o valores do logaritmo da função de verossimilhança (log_eL) melhoraram a medida em que o número de segmentos aumentou passando de 2 até 5, acompanhando também o aumento da ordens das funções B-splines, exceto para (função B-spline linear) que apresentou melhor resultado com um menor número de segmentos utilizados, conforme observado. Aliado a esse aspecto, notou-se, que nas funções B-spline (quadrática e cúbica) as magnitudes de suas melhoras foram inferiores quando as ordens das funções utilizadas foram maiores ou seja, a influência do número de nós foi maior quando se utilizou funções coeficiente de regressão de baixa ordem (por exemplo, igual a dois ou três).

Nesse sentido Meyer et al. (2005c) e Menezes et al. (2013) relataram resultados semelhantes aos obtidos nesse trabalho, quando se utilizou funções B-spline (linear, quadrática e cúbica) para modelar as trajetória de crescimento em bovinos de corte até em média 600 dias de idade.

Verificou-se, que independente da função B-spline empregada (quadrática ou cúbica), o aumento do número de segmentos (2 a 5), acompanhados pelo número de nós (3 a 6) e parâmetros (35 a 52) e (50 a 70) acarretou em valores superiores, em módulos, para os critérios de AIC e BIC, indicando, portanto, um pior ajuste. Por outro lado, o aumento do número de segmentos para a função B-Spline linear, demonstrou resultados contraditórios para o BIC podendo ser justificado pelo menor número de parâmetros (24 a 39).

De acordo com alguns autores como por exemplo Rosa et al. (2000) e Meyer et al. (2005d) estudando a modelagem da curva de crescimento em bovinos de corte, através de polinômios B-spline, afirmaram que os modelos parcimoniosos são os preferíveis, ou seja deve-se dar preferência a modelos que envolvam o mínimo de parâmetros possíveis a serem estimados, pois explicam melhor o comportamento da variável resposta.

Dessa forma, conforme os critérios já mencionados optou-se, nesse trabalho escolher o modelo A1 – BSL33322 (Tabela 12), como sendo o de melhor ajuste, visto que apresentou os melhores resultados com relação, ao menor número de parâmetros (24), maior valor de AIC e aliado ainda ao menor valor de Log_eL. Isso demonstra a importância de se utilizar dois segmentos com seus respectivos nós (0 – 210 – 499) no estudo do modelagem de crescimento do peso em função da idade em bovinos de corte.

Tabela 12: Modelos (A), função de regressão polinomial B-spline (BSX L, Q ou C), coeficientes de regressão aleatória (k_1 , k_2 e k_3), número de parâmetros (NP), nós, número de segmentos (N), Logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$), Critério de Informação de Akaike (AIC) e Critério de Informação Bayesiano (BIC) para diferentes modelos considerando homogeneidade de variâncias residuais em bovinos da raça nelore.

A	BSX	k_1	k_2	k_3	NP	Nós	N	$\text{Log}_e L$	AIC	BIC
B-Spline (Llinear)										
1	BSL	3	3-3	2-2	24	(0 – 210 – 499)	2	-132.035,9	134.599,3	134.810,1
2	BSL	4	4-4	2-2	27	(0 – 120 – 210 – 499)	3	-133.014,5	134.743,2	134.287,2
3	BSL	5	5-5	2-2	35	(0 – 120 – 210 – 365 – 499)	4	-133.631,3	134.697,1	134.241,8
4	BSL	6	6-6	2-2	39	(0 – 100 – 200 – 300 – 400 – 499)	5	-133.926,2	134.659,3	134.010,6
B-Spline (quadrático)										
1	BSQ	4	4-4	3-3	35	(0 – 210 – 499)	2	-133.524,3	134.399,3	134.410,1
2	BSQ	5	5-5	3-3	43	(0 – 120 – 210 – 499)	3	-133.401,5	134.443,2	134.487,2
3	BSQ	6	6-6	3-3	46	(0 – 120 – 210 – 365 – 499)	4	-133.301,3	133.497,1	134.510,8
4	BSQ	7	7-7	3-3	52	(0 – 100 – 200 – 300 – 400 – 499)	5	-133.299,2	134.510,3	134.560,6
B-Spline (cúbico)										
1	BSC	5	5-5	4-4	50	(0 – 210 – 499)	2	-135.932,9	133.533,1	133.220,1
2	BSC	6	6-6	4-4	57	(0 – 120 – 210 – 499)	3	-135.806,2	133.580,2	133.251,2
3	BSC	6	6-6	4-4	63	(0 – 120 – 210 – 365 – 499)	4	-135.783,1	133.607,1	133.300,7
4	BSC	7	7-7	4-4	70	(0 – 100 – 200 – 300 – 400 – 499)	5	-135.781,2	133.632,5	133.320,8

BSX (L, Q ou C) = função polinomial B-spline (linear, quadrática e cúbica).

Verificou-se, que o modelo A1 – BSL33322(CL₁) que considerou homogeneidade de variâncias residuais (CL₁) e o modelo com heretogeneidade de variância com duas (CL₂) ou três classes (CL₃) obtiveram os piores ajustes dentre todos criterios avaliados, indicando que a variância residual tem comportamento diferente no decorrer da trajetória de crescimento

(Tabela 13). Esses resultados são semelhantes aos encontrados por Meyer et al. (2005a), Mota et al. (2013), Silva et al. (2013) e Menezes et al. (2013) em trabalhos com bovinos de corte.

O modelo A1 – BSL33322(CL₄) que agrupou quatro classes de idade: 60-149, 150-299, 300-419 e 420-499 dias, foi o mais indicado nesse estudo, pois, foi o que apresentou menores valores de AIC e BIC. Dessa forma, a inclusão da classe de variância residual CL₄ poderá promover um incremento nas estimativas de variâncias e com isso, obter parâmetros genéticos mais acurados.

Tabela 13. Classes de variâncias residuais para o modelo A1 – BSL33322-(CL₁, CL₂, CL₃ e CL₄) considerando Log_eL, AIC, BIC para a funções B-spline linear para a curva de crescimento em bovinos de corte.

Classe de variâncias Residuais (Modelo A1 – BSL33322-CL₁₋₄)	NP	Log_eL	AIC	BIC
CL ₁	24	-132.035,9	134.599,3	134.810,1
CL ₂	25	-132.020,3	134.670,2	134.857,2
CL ₃	26	-131.001,4	134.692,7	134.891,6
CL ₄	27	-132.218,2	132.198,8	132.488,2

Na Tabela 14, encontram-se os valores do Logaritmo da função de verossimilhança (Log_eL), critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano (BIC), na qual indicam que a função B-spline com o modelo modelo A1 – BSL33322(CL₄) com 27 parâmetros foi a que propiciou um melhor ajuste, quando comparado ao obtido nesse estudo, através do ajuste do polinômios de Legendre pelo modelo 6 - Leg34444 (CL₄) na qual continha com 43 parâmetros.

Dessa forma, o modelo o B-spline - BSL33322 (CL₄) pode ser indicado para estudar futuramente parâmetros genéticos de forma mais acurada, a fim de evitar uma série de dificuldades, que se verificou nesse trabalho com o uso dos polinômios ortogonais de Legendre, como problemas de inconsistências nas estimativas de variâncias e covariâncias em idades extremas e problemas com polinômios de alto grau, principalmente para modelar os efeitos aleatórios genéticos maternos e de ambiente permanente materno. Isto levou a um aumento do número de parâmetros a serem estimados nesse trabalho e consequentemente nas exigências da capacidade computacional e possivelmente a erros nas estimativas.

Tabela 14: Comparação de modelos de regressão aleatória A1 – BSL33322(CL₄) e Leg34444 (CL₄) ajustados por polinomial ortogonal de Legendre e polinômios segmentados do tipo B-spline, número de parâmetros (NP), Logaritmo da função de verossimilhança (Log_eL), Critério de Informação de Akaike (AIC) e Critério de Informação Bayesiano (BIC) considerando heterogeneidade de variâncias residuais estudados para a curva de crescimento em bovinos da raça Nelore.

Polinômio de Legendre de melhor ajuste				
	NP	Log _e L	AIC	BIC
Leg34444 (CL ₄)	43	-133.317,7	133.118,7	133.477,9
Função B-Spline de melhor ajuste				
BSL33322 (CL ₄)	27	-132.218,2	132.198,8	132.488,2

Leg = polinômios ortogonais de legendre; BSL: polinômios B-spline linear.

5.0 Conclusões

As estimativas de (co)variância e parâmetros genéticos tanto por modelo de regressão aleatória (ajustada por polinômios ortogonais de Legendre) quanto para os modelos multicaracterístico apresentaram comportamento biológico semelhantes. No entanto, o modelo com função polinomial de Legendre de ordem três para os efeitos fixos e quatro para os efeitos aleatórios apresentaram melhores acurácias com relação às estimativas de parâmetros avaliadas.

O uso de uma função B-Spline Linear com coeficientes de regressão de ordem três para os (efeitos fixos, aleatórios genético do animal e materno) com três nós e ordem dois para os (efeitos aleatórios de ambiente permanente direto e materno) com dois nós no extremo da curva, proporcionaram um melhor ajuste em relação ao polinômio ortogonal de Legendre.

Referências Bibliográficas

- ABCZ – Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. Disponível em: <http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/cdp.html>. Acesso em 03/04/2015.
- ABIEC – Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne. <http://www.abiec.com.br/download/EXP%20JAN-fev%2015.pdf>.
- ACNB – Associação dos criadores de Nelore do Brasil. <http://www.nelore.org.br/2015>.
- ALBUQUERQUE L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 5, 2004.
- ALENCAR, M.M. Critérios de seleção em bovinos de corte no Brasil. In: SIMPOSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4, 2002. Campo Grande, MS. **Anais...**Campo Grande: SBMA, 2002.
- ALENCAR, M.M. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41, 2004. Campo Grande, MS. **Anais...**Campo Grande: SBZ, 2004. p.358-367.
- ARANGO J. A., CUNDIFF L. V., VAN VLECK L. D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54- 67, 2004.
- ARANGO, A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. **Journal of Animal Science**, v.80, p.3112-3122, 2002.
- ARAUJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N. et al. Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória **Revista brasileira de zootecnia**, v.35, p.967-974, 2006.
- BALDI, F., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, P. F. Parâmetros Genéticos para Características Indicadoras de Tamanho Corporal e Condição Corporal em Fêmeas da Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**. Submetido em julho de 2008.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z.; LOBO, R.B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. Submetido em Junho 2007.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.746-751, 2010.
- CHOY, Y. H., BRINKS, J. S., BOURDON, R. M. Repeated-measure animal models to estimate genetic components of mature weight, hip height, and body condition score. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2071-2077, 2002.
- COBUCI, J. A., EUCLYDES, R. F., COSTA, C. N. LOPES, P. S., TORRES, R. A., PEREIRA, C. S. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p. 546-554, 2004.

COSTA, C.N.; MELO, C.N.R.; PACHER, I.U. et al. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista brasileira de zootecnia**, v.37, p.602-608, 2008.

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

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

FERRAZ FILHO, P. B.; RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; ALENCAR, M. M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p.65-69, 2002a.

FIGUEIREDO, L.A. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento à seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1405-1415, 2004.

GARNERO, A.V.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; OLIVEIRA, H.N. Comparação entre Alguns Critérios de Seleção para Crescimento na Raça Nelore. **Brazilian Journal of Animal Science**, v.30, n.3, p.714-718, 2010.

GONÇALVES, F.M; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G.; GARCIA, D.A.; FARAH, M.M.; MEIRA, C.T.; CRUZ, V.A.R. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.1, p.158-164, 2011.

HOLANDA, M. C. R.; BARBOSA, S. B. P.; RIBEIRO, A. C.; SANTORO, K. R. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v.53, n.202, p.187-194, 2004.

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

LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.1, p.143-152, 2011.

LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.1, p.143-152, 2011.

LIRA, T.; ROSA, E. M.; GARNEIRO, A. D. V. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (revisão). **Ciência Animal Brasileira**, v.9, n.1, p.1-22, 2008.

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

MARTINS, G. A.; FILHO, R. M.; LIMA, F. A. M.; LÔBO, R. N. B. Influência de fatores genéticos e de meio sobre o crescimento de bovinos da raça Nelore no Estado do Maranhão. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.1, p.103-107, 2000.

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

MELLO, S. de P.; ALENCAR, M.M. de; TORAL, F.L.B.; GIANLORENÇO, V.K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Brazilian Journal of Animal Science**, v.35, n.1, p.92-97, 2006.

MENEZES, G.R.O.; TORRES, R.A.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, L.O.C.; GONDO, A.; EUCLYDES, R.F. Estimation of genetic parameters for growth traits in Tabapuã cattle using a multi-trait model. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, p. 570-574, 2013.

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

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

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

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

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

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

MEYER, K. **WOMBAT** – A program for mixed model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. *Journal of Zhejiang University Science B*, v.8, n.11, p.815–821, 2007.

MOTA, R.R et al. The influence of animals from embryo transfer on the genetic evaluation of growth in Simmental beef cattle by using multi-trait models. **Genetics and Molecular Biology**, pg 361:43-49, 2013.

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

PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.6, p.720-727, 2001.

PIMENTA FILHO, C. E.; MARTINS, G. A.; SARMENTO, J. L.R.; RIBEIRO, M. N.; FILHO, R. M. Estimativas de herdabilidade de efeito direto e materno de características de crescimento de bovinos Guzerá, no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1220-1223, 2001.

RIBEIRO, M. N.; PIMENTA FILHO, E. C.; MARTINS, G. A.; SARMENTO, J. L. R.; FILHO, R. M. Herdabilidade para efeito direto e materno de características de crescimento de bovinos Nelore no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1224-1227, 2001.

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

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

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

SANTOS, P. F.; MALHADO, C. H. M. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVÊDO, D. M. M. R.; CUNHA, E. E.; SOUZA, J. C.; FERRAZ FILHO, P. B. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em características de crescimento de bovinos da raça Nelore Variedade Mocha. **Archives of Veterinary Science**, v.10, n.2, p.55-60, 2005.

SARMENTO, J. L. R; PIMENTA FILHO, E. C.; RIBEIRO, M. N.; FILHO, R. M. Efeitos ambientais e genéticos sobre o ganho em peso diário de bovinos Nelore no Estado da Paraíba. **Revista brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.325-330, 2003.

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.4, p.581-589, 2006.

SAS STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. **User's guide: Statistics**. Version 9.4, NC; SAS Institute, 2013.

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

SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regression in animal models for testday production in dairy cattle. In **WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**. Proceedings... Guelph, 2004, v.17, p.443-446.

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

SILVA, J.A.V.; MARCELO, E.T.; RIBEIRO, C.B.; MAIORANO, A.M.; CURI, R.A.; OLIVEIRA, H.N.; MOTA, M.D.S. Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.8, p.1166-1173, 2012.

SILVA, R.M.; SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; SILVEIRA, M.V.; FREITAS, J.A.; MARÇAL, M.F. Parâmetros e tendências genéticas para pesos de várias idades em bovinos Nelore. **Revista Brasileira de. Saúde e Produção. Animal**[online], v.14, n.1, p.21-28, 2013.

SILVEIRA, J. C.; McMANUS, C.; MASCIOLI, A. S.; SILVA, L. O. C.; SILVEIRA, A. C.; GARCIA, J. A. S.; LOUVANDINI, H. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no Estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1432-1444, 2004.

SIQUEIRA, R. L. P. G.; OLIVEIRA, J. A.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; TONHATI, H. Análise da variabilidade genética aditiva de características de crescimento na raça Nelore. **Revista brasileira de Zootecnia**, v.32, n.1, p.99-105, 2003

SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; GONDO, A.; FREITAS, J.A.; MALHADO, C.H.M.; FILHO, P.B.F.; SERENO, J.R.B.; WEABER, R.L.; LAMBERSON, W.R. Parâmetros e tendência genética de peso de bovinos criados à pasto no Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v.60, n.231, p.457- 465, 2011.

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

TEIXEIRA, R.B.; SILVA, F.G.; SOUSA, M.F. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista brasileira de zootecnia**, v.40, p.765-771, 2011.