

JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO

**MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA AVALIAÇÃO
GENÉTICA DA CURVA DE CRESCIMENTO DE OVINOS DA
RAÇA SANTA INÊS**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2007

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

T

S246m
2007

Sarmiento, José Lindenberg Rocha, 1976-

Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês / José Lindenberg Rocha Sarmiento. – Viçosa, MG , 2007. xi, 101f. : il. ; 29cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Ovino - Genética - Métodos estatísticos. 2. Ovino - Melhoramento genético. 3. Ovino - Crescimento.

I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

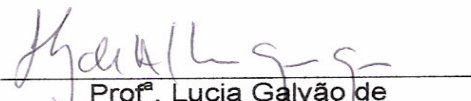
CDD 22.ed. 636.30821

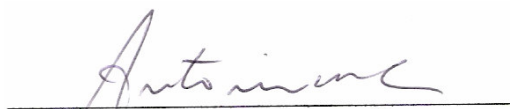
JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO


**MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA AVALIAÇÃO
GENÉTICA DA CURVA DE CRESCIMENTO DE OVINOS DA RAÇA
SANTA INÊS**

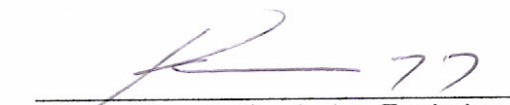
Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

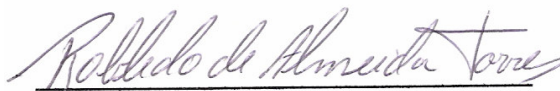
APROVADA: 22 de junho de 2007.


Prof. Lucia Galvão de
Albuquerque


Prof. Antonio Policarpo Souza
Carneiro


Prof. Paulo Sávio Lopes
(Co-orientador)


Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Co-orientador)


Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

Aos meus pais **José Marciano** e **Laurita** e
minhas irmãs **Socorro** e **Ana Célia**;

Dedico este trabalho.

AGRADECIMENTO

A Deus, que tem me dado tantas coisas boas, minha vida, minha família, meus amigos, minhas realizações profissionais...

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

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

À Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba – EMEPA – PB, pela cessão de parte dos dados utilizados neste estudo.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA, pela cessão de parte dos dados essenciais à realização deste estudo.

Ao orientador e amigo professor Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos, pela confiança, pelo apoio e rico convívio ao longo desses anos.

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

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

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

Aos pesquisadores Wandrick Hauss de Sousa e Raimundo Nonato Braga Lôbo pela colaboração e pelo apoio para a realização deste estudo.

Ao professor Policarpo Carneiro, pela amizade e pelas sugestões essenciais à melhoria deste trabalho.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Jaboticabal, pelo apoio durante parte do desenvolvimento deste trabalho.

À Universidade Federal do Piauí, pelo apoio e pela disponibilidade de equipamentos necessários à conclusão deste trabalho.

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

Aos amigos do curso de pós-graduação, Fernanda, Leandro, Gustavo, Raquel, Alex, Luciara, Marcos (2mi2) e Gilberto pela amizade, pelos trabalhos que realizamos, pelo incentivo e pelo agradável convívio ao longo dos dias que passei nesta instituição.

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

BIOGRAFIA

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

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

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

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

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

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

Em agosto de 2003, iniciou o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais.

Em setembro de 2006 foi admitido, como professor, na Universidade Federal do Piauí, Piauí.

Em 22 junho de 2007, submeteu-se aos exames finais de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Genética e Melhoramento.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	IX
ABSTRACT	XI
INTRODUÇÃO GERAL	1
REVISÃO DE LITERATURA	4
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	14
CAPÍTULO 1	19
EFEITO MATERNO SOBRE A CURVA DE CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA INÊS POR MEIO DE MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	19
RESUMO	19
INTRODUÇÃO	20
MATERIAL E MÉTODOS	21
RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
CONCLUSÕES.....	37
LITERATURA CITADA	38
CAPÍTULO 2	40
MODELAGEM DA CURVA MÉDIA DE CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA INÊS EM MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	40
RESUMO	40
INTRODUÇÃO	41
MATERIAL E MÉTODOS	42
RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
CONCLUSÕES.....	55
LITERATURA CITADA	56
CAPÍTULO 3	57
COMPARAÇÃO DE HOMOGENEIDADE E HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA RESIDUAL EM MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA NA DESCRIÇÃO DO CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA INÊS	57
RESUMO	57
INTRODUÇÃO	58
MATERIAL E MÉTODOS	59
RESULTADOS E DISCUSSÃO	62
CONCLUSÕES.....	74
LITERATURA CITADA	75

CAPÍTULO 4	77
COMPARAÇÃO DE MODELOS REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA A DESCRIÇÃO DA CURVA DE CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA INÊS	77
RESUMO	77
INTRODUÇÃO	78
MATERIAL E MÉTODOS	80
RESULTADOS E DISCUSSÃO	82
CONCLUSÕES	97
LITERATURA CITADA	98
CONCLUSÕES GERAIS	100

RESUMO

SARMENTO, José Lindenberg Rocha, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, junho de 2007. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Co-orientadores: Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides

Utilizaram-se 17.767 registros de pesos de 4.210 cordeiros da raça Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Caprinos e EMBRAPA Tabuleiros Costeiros), com os objetivos de avaliar diferentes modelos de regressão aleatória para estimar componentes de (co)variância e predizer valores genéticos para a curva de crescimento, visando avaliar a importância da inclusão do efeito materno no modelo de análise (genético e ambiente permanente), determinar a modelagem mais adequada para a trajetória média de crescimento, ajustar diferentes estruturas para modelar a variância residual e comparar funções de diferentes ordens para ajustar as mudanças nas variâncias dos diferentes efeitos aleatórios considerados na análise. As regressões fixas e aleatórias foram ajustadas por meio de polinômios de Legendre de diferentes ordens, em análises unicaracterísticas, com auxílio do programa DXMRR. Observou-se melhoria no ajuste do modelo aos dados com a inclusão do efeito materno (genético ou ambiente permanente), evidenciando sua importância. A herdabilidade direta foi inflacionada pelo efeito materno, quando este não foi considerado no modelo de análise. O efeito de ambiente permanente materno contribuiu para a variância materna e inflacionou a herdabilidade materna, quando não incluído no modelo. Uma função polinomial cúbica para ajustar a curva média de crescimento estimou valores mais próximos das médias observadas, quando comparado a ordens inferiores e superiores, principalmente ao final da curva. As herdabilidades diretas estimadas considerando ajuste linear foram superiores às estimadas com a função cúbica. As mudanças no ordenamento

dos animais, com base nos valores genéticos preditos empregando ajuste de linear a cúbico, foram pequenas; porém, a diferença na magnitude dos valores genéticos preditos foi maior. O modelo considerando homogeneidade de variâncias residuais mostrou-se inadequado. O ajuste de funções de variâncias com qualquer ordem foi melhor que o obtido por meio de classes, sendo que o polinômio ordinário de ordem seis proporcionou melhor ajuste dentre as estruturas testadas. A modelagem do resíduo interferiu nas estimativas das variâncias de animal (genética e ambiente permanente) e na classificação dos reprodutores com base nos valores genéticos preditos. Uma função contínua com as ordens três, três, cinco e três, respectivamente, para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e o ambiente permanente de animal e da mãe, foi suficiente para descrever as mudanças nas variâncias relacionadas à curva de crescimento dos ovinos Santa Inês. As herdabilidades diretas estimadas do nascimento aos 56 dias de idade foram inferiores à materna, refletindo a maior contribuição da mãe sobre o fenótipo da cria nesta fase do crescimento. A partir desta idade, a herdabilidade direta passou a ser superior até o final do período de crescimento estudado. Um modelo de regressão aleatória empregando uma função cúbica para a curva fixa, uma função de variância de ordem seis para o resíduo e funções com as ordens três, três, cinco e três, respectivamente, para os efeitos genéticos direto e materno e ambiente permanente do animal e da mãe, permitiram descrever eficientemente as variâncias e covariâncias relacionadas à curva de crescimento dos ovinos Santa Inês estudados.

ABSTRACT

SARMENTO, José Lindenberg Rocha, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, June, 2007. **Random Regression Models for genetic evaluation of growth curve of Santa Inês Sheep.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-advisers: Paulo Sávio Lopes and Ricardo Frederico Euclides

Data set of 17,767 records from 4,210 Santa Inês lambs, belonging to Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) and Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Caprinos and EMBRAPA Tabuleiros Costeiros), were used to evaluate different random regression models to estimate (co)variance components and predict breeding values to the growth curve, aiming evaluate the importance on including maternal effect on the analysis model (genetic and permanent environment), determine the most suitable modeling for average growth trajectory, fit different structures to pattern residual variance and compare functions with different orders to fit changes on different random effects considered on analysis. Fixed and random regressions were fitted by Legendre polynomials in single-trait analysis with DXMRR software. An improvement was observed to data fitting when maternal effect (genetic or permanent environment) was included in the model. Direct heritability was increased by the maternal effect when it was not considered in analysis model. Permanent maternal environment effect contributed to maternal variance and increased maternal heritability when it was not included in the model. A cubic polynomial function estimated closely values to observed means to fit the average growth curve compared to lower and higher orders, especially in the end of the curve. Linear fitting were better than cubic function to estimate direct heritabilities. Changes on animal ranking based on predicted breeding values, using linear to cubic fitting, were small, however, the difference was higher on magnitude of predicted breeding values. The model was inadequate when considering homogeneity of residual variances. Fitting variance functions with any order was better than obtained by classes, which an order six polynomial provided best fitting among tested structures.

Residue fitting intervened on estimates of animal variance (genetic and permanent environment) and at sire ranking based on predicted breeding values. A continuous function with orders three, three, five and three, respectively to direct genetic additive and maternal effect and permanent environment to animal and dam effect, was enough to describe changes on variances related to growth curve of Santa Inês sheep. Estimated heritabilities from birth to 56 days old were lower than maternal, reflecting major contribution from the dam over lambkin's phenotype in this growth stage. From this age, direct heritability became higher until the end of the studied growth period. A random regression models using cubic function to fixed curve, variance function of order six to residue and functions with orders three, three, five and three, respectively to direct genetic additive and maternal effect and permanent environment to animal and dam effect, allowed efficiently describing of variances and covariances related to the growth curve of the studied Santa Inês sheep.

Introdução geral

Na atualidade a população humana segue crescendo, com expectativa, de acordo com projeção da FAO (Food and Agriculture Organization of United Nation Production), que até 2050 atinja a marca de nove bilhões de pessoas, tendo como consequência o aumento da demanda por alimentos, principalmente de origem animal. Desta forma, será necessário o desenvolvimento de métodos e/ou procedimentos que permitam incrementos significativos na produtividade, tanto nos países desenvolvidos como nos países em desenvolvimento.

Neste sentido, a criação de ovinos para produção de carne tem-se tornado uma atividade promissora, onde a carne é uma excelente opção dentre as carnes vermelhas, seja por seu valor nutricional ou por suas qualidades organolépticas. A grande demanda por esta carne no mercado internacional tem proporcionado preços nunca praticados, quando comparados a outras carnes, como frango, bovinos e suínos. A produção mundial de carne ovina é da ordem de 8.210.255 toneladas (FAO, 2004), destacando-se a China, Índia e Austrália como os maiores produtores.

O Brasil produz em torno de 76.000 toneladas de carne ovina (FAO, 2004), entretanto o país ainda não é auto-suficiente. O consumo por habitante/ano no Brasil ainda é muito baixo (menos de 1 kg), tendo como possíveis causas a baixa oferta, o que tem contribuído para o aumento dos preços praticados. Para atender a demanda interna, tem-se importado carne, principalmente, da Argentina e Uruguai. Segundo dados da FAO, em 2004 as importações foram próximas de três mil toneladas. Segundo o Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio do Exterior, as importações entre os anos de 2005 e 2006 chegaram a sete mil toneladas, revelando crescimento nas importações.

Vários fatores de produção determinam a eficiência no processo produtivo de carne ovina, todavia a escolha da raça é o que mais influencia a quantidade e a qualidade do produto final, sendo primordial para o sucesso da atividade. As raças de ovinos deslanados são fundamentais na maximização da eficiência dos sistemas de produção de carne nos países de clima tropical. Estas raças desempenham, portanto, um papel crucial no equilíbrio social e ecológico, e constituem a base de produtos locais indispensáveis a manutenção do homem no campo. Elas representam, também, uma inestimável contribuição para a diversidade dos recursos genéticos animais. Nas condições edafoclimáticas peculiares à região Nordeste, essas raças têm maior capacidade de sobreviver, reproduzir e produzir.

Dentre as raças ovinas deslanadas, a Santa Inês destaca-se por apresentar alto valor adaptativo e reprodutivo, resistência a parasitas gastrointestinais e excelente qualidade de pele (Sousa et al., 2003). Além disso, a Santa Inês apresenta bom potencial de crescimento e boa produção de leite para criar os cordeiros, embora possua baixa taxa de partos múltiplos. Esses atributos colocam essa raça em posição estratégica como reserva de diversidade genética e factível de uso em programas de melhoramento, visando melhorar os índices produtivos e reprodutivos por meio de seleção.

O melhoramento genético de ovinos de corte vem sendo conduzido em vários países e, mais recentemente, algumas tentativas vêm sendo conduzidas no Brasil, buscando obter animais mais produtivos e mais eficientes em condições brasileiras. Entretanto, até recentemente, a melhoria genética dos plantéis nacionais baseava-se na importação de animais e sêmen de países que têm programas de melhoramento consolidados, na maioria países de clima temperado, o que pode não condizer com a realidade brasileira. Desta forma, o conhecimento dos parâmetros genéticos, dos modelos estatísticos apropriados e das metodologias disponíveis é fundamental para implementar e consolidar programas de melhoramento genético de ovinos para produção de carne.

Neste sentido, a utilização de métodos que consigam incorporar toda a informação de um animal, que permitam estimar mais acuradamente os fatores de ambiente e que possibilitem utilizar dados observados, em substituição aos estimados, com vistas a incrementar a acurácia e as possibilidades de seleção e melhoramento genético, é uma estratégia poderosa, particularmente facilitada

pelos avanços ocorridos na área de informática. Sendo assim, a utilização de uma variável resposta de dimensão finita (por exemplo, peso vivo de um animal ajustado a uma idade padrão) em comparação com as variáveis originalmente repetidas ao longo do tempo (dimensão infinita, por exemplo, pesos em diferentes idades), a partir da qual se estima a variável de dimensão finita, tem sido questionada nas últimas décadas.

Os modelos de regressão aleatória têm sido reconhecidos como ideais para análise de características longitudinais no melhoramento animal e têm sido utilizados para modelar várias características em algumas espécies de animais domésticos, como bovinos de leite (Jamrozik et al., 1997; Van Der Werf et al., 1998; El Faro & Albuquerque, 2005; Araújo et al., 2006), bovinos de corte (Albuquerque e Meyer, 2001; Nobre et al., 2003; Santoro et al., 2006), suínos (Huisman et al., 2002) e pequenos ruminantes, como caprinos de leite (Assis et al., 2006; Breda et al., 2006) e ovinos de corte (Fischer et al., 2004; Sarmento et al., 2006a). Todavia, no Brasil, os modelos de regressão aleatória têm sido pouco aplicados em estudos da curva de crescimento de ovinos, sendo basicamente o estudo realizado por Sarmento et al. (2006a).

Desta forma, objetivou-se com este estudo comparar diferentes modelos de regressão aleatória, ajustados por funções polinomiais de Legendre, para estimação de componentes de (co)variância e predição de valores genéticos para a curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. Assim, diferentes temas foram estudados e estão apresentados em quatro trabalhos diferentes, a saber: investigar a importância dos efeitos genético aditivo materno e ambiente permanente materno na estimação dos componentes de (co)variância e nos parâmetros genéticos resultantes; avaliar a modelagem mais adequada para representar a trajetória média de crescimento da população; comparar o ajuste das variâncias residuais por meio de classes heterogêneas e funções de variâncias; e comparar funções de diferentes ordens para os efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise para avaliar a que melhor se adequará aos estudos genéticos da curva de crescimento.

Revisão de Literatura

A ovinocultura de corte tem despertado o interesse de produtores e pesquisadores como jamais aconteceu, principalmente pela crescente demanda de carne e pela lucratividade que a atividade tem proporcionado. No mercado internacional este produto tem alcançado preços nunca praticados. Segundo a FAO, em 2001 a tonelada de carne de cordeiro alcançou aproximadamente US\$ 2.900,00 ao passo que em 2003 girou em torno de US\$ 3.750,00, correspondendo a um aumento de quase 30% em apenas dois anos, superando os preços praticados para outras carnes, como frango, bovino e suíno. Paralelo a este cenário houve aumento da demanda internacional por carne ovina, tendo como grandes importadores México, Canadá, Reino Unido, China, Japão, União Européia e Brasil.

As importações realizadas pelo Brasil entre os anos de 2005 e 2006 foram na ordem de 7 mil toneladas de carne ovina, de acordo com dados fornecidos pelo Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio do Exterior, havendo crescimento de 48% nas importações, que até então estava em torno de 4,7 mil toneladas nos anos anteriores a esse levantamento. Esses dados indicam, de maneira expressiva, a necessidade de aumentar a produção para atender a demanda interna desse produto, como também, futuramente, contribuir significativamente na exportação e abastecimento do mercado externo, que é bastante promissor.

O Brasil com, atualmente, 15.057.838 cabeças (IBGE, 2006), representando 1,71% do rebanho mundial, distribuídas nas Regiões Nordeste (51,8%), Sul (37,1%), Sudeste (4,7%), Centro-Oeste (2,8%) e Norte (2,4%),

produz em torno de 76.000 toneladas de carne, conferindo-lhe o décimo terceiro lugar entre os produtores mundiais de carne ovina.

Diante da atual situação da ovinocultura no País, em que a oferta está muito aquém do potencial de produção de carne, deve-se incentivar a produção de ovinos em todo o País, que tem grande potencial para produzir, aumentando, cada vez mais, a importância sócio-econômica da ovinocultura.

O sucesso de qualquer sistema de produção tem sua origem no planejamento da criação, como organização do processo de comercialização, alimentação, sanidade, reprodução, escolha do material genético a ser utilizado e, sem dúvida, a utilização de reprodutores geneticamente superiores, identificados por meio de avaliações genéticas, que é o meio mais eficiente para auxiliar o processo seletivo.

Segundo Lopes (2004) a eficiência dos programas de melhoramento depende da precisão com que os indivíduos submetidos à seleção são avaliados. No melhoramento animal, é importante a avaliação do valor genético, visando identificar os melhores indivíduos, que serão os pais da próxima geração, e quantificar a contribuição destes para o ganho genético. A eficiência da avaliação genética depende de inúmeros fatores, podendo-se destacar o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e a metodologia adotada (Sarmiento, 2003).

Programas de avaliação genética de ovinos de corte no Brasil são raros, entretanto, a seleção para características de crescimento tem sido, de certa forma, praticada com base em pesagens seqüenciais realizadas ao longo do tempo, normalmente, a intervalos de 28 dias, o que caracteriza os chamados dados longitudinais. De acordo com Van Der Werf & Schaeffer (1997) esse tipo de dado deve receber tratamento estatístico especial, uma vez que o padrão de covariâncias entre as medidas é bem estruturado, havendo a necessidade de modelar essa estrutura para que se possam fazer inferências. Normalmente, para pesos corporais medidos repetidamente ao longo do tempo, a correlação entre as medidas diminui quando o espaço de tempo entre elas aumenta.

Características que são medidas repetidamente ao longo da trajetória de crescimento de um animal podem ser analisadas de várias formas. A mais simples seria analisá-las, assumindo que todas as medidas mensuradas ao longo do tempo representam a mesma característica, por meio de um modelo

de repetibilidade. Entretanto, esse modelo pressupõe que as variâncias genéticas e não genéticas, não variam ao longo do tempo, ou seja, que as correlações entre as medias repetidas sejam iguais a unidade. Sakaguti (2000), ao estudar o crescimento de bovinos da raça Tabapuã, verificou que o modelo de repetibilidade mostrou-se inadequado às avaliações genéticas.

Outra forma de analisar características que se repetem ao longo do tempo (características longitudinais) seria descrever a trajetória de crescimento utilizando regressão sobre o tempo por meio de modelos não-lineares, em que as informações de pesagens sucessivas durante o crescimento são agrupadas em poucos parâmetros biologicamente interpretáveis (Sarmiento et al., 2006c). Desta forma, o estudo da curva de crescimento é feito em dois passos: no primeiro, estimam-se os parâmetros da curva para cada animal e no segundo, os efeitos de ambiente e componentes de variância são estimados para os parâmetros da curva ajustada e seleciona-se para os mesmos (Bathaei & Leroy, 1998; Lewis et al., 2002). Ao empregar este método não se considera o parentesco entre os animais no primeiro passo e animais com um ou poucos registros são desconsiderados da análise. Além disso, ao ajustar uma curva, todos os pesos do animal são utilizados, entretanto, dados repetidos têm erros correlacionados e isto não tem sido considerado neste método. Vários trabalhos empregaram este método no estudo de crescimento de bovinos de corte (Perotto et al., 1992; Oliveira et al., 2000), porém, segundo Albuquerque (2004), é um método que raramente tem sido empregado na prática por programas de melhoramento genético.

Características longitudinais podem ser analisadas, também, por meio de modelos animais em análises uni ou multicaracterísticas. Nesses modelos, assume-se que cada peso medido nas várias idades é uma característica diferente. Com o modelo multicaracterística, as covariâncias entre os pesos 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. Outro ponto importante neste tipo de análise, é que o número de parâmetros a ser estimado cresce acentuadamente com aumento do número de características. Com isso, a tentativa de incorporar as informações de várias idades compreendidas no período de crescimento, torna o modelo excessivamente

parametrizado, podendo inviabilizar a análise em face de limitações computacionais e dificuldades de interpretação.

Trabalhos mais recentes que objetivaram estudar essas características em ovinos de corte empregaram a metodologia da máxima verossimilhança restrita por meio de modelos animais em análises uni ou multicaracterísticas (Sousa et al., 1999; Boujenane & Kansari, 2002; Sarmiento et al., 2006b). Na verdade, todos os autores citados anteriormente realizaram análises bicaracterística para estimar as correlações entre os pesos, uma vez que, normalmente, a análise multicaracterística considerando todos os pesos em estudo ao mesmo tempo, que seria o ideal, não são executadas facilmente, pois demandaria computadores com alta capacidade de processamento e memória.

Esse modelo pode ser entendido como um modelo de dimensão finita, em que uma escala contínua é arbitrariamente dividida em intervalos (Meyer, 1998) e apenas alguns pontos da curva são amostrados. Os pesos medidos nas várias idades são ajustados para idades consideradas como padrão, os quais serão usados para estimar os componentes de variância e os valores genéticos dos animais. Ao fazer os ajustes para uma idade padrão pressupõe-se que uma mesma curva de crescimento seja adequada para todos os animais, o que pode acarretar em eliminação de variabilidade na forma da curva de cada animal, tendo como consequência, diminuição de variabilidade genética para crescimento.

Características que são mensuradas várias vezes durante a vida do animal, são consideradas como longitudinais, ou seja, características de dimensão infinita. Kirkpatrick & Heckman (1989) definem estas características como aquelas que o fenótipo do indivíduo pode ser descrito por uma função, em vez de um número finito de mensurações. Como exemplo de característica longitudinal, os mesmos autores citam a trajetória de crescimento de um animal, a qual pode ser considerada como uma função que relaciona a idade do indivíduo com algumas mensurações de seu tamanho. Desta forma, o tamanho do indivíduo para cada idade diferente, pode ser considerado como característica diferente, havendo, então, um número infinito de idades. Biologicamente, isto poderia ser explicado por diferentes genes que se

expressam em diferentes idades do animal, causando alterações fisiológicas e no desempenho do indivíduo (Schaeffer, 1997).

Uma possibilidade de análise de características de dimensão infinita foi apresentada por Henderson Jr. (1982). Com base nesta teoria existem, em um dado experimento, diferentes coeficientes de regressão associados a diferentes curvas de crescimentos dos indivíduos de uma população, de forma que se os indivíduos são tratados como efeitos aleatórios, os coeficientes de regressão associados a estes também devem ser tratados como aleatórios. Os modelos que empregam os coeficientes de regressão aleatória são, atualmente, denominados de modelos de regressão aleatória.

Ainda em 1982, três meses depois da publicação de Henderson Jr., foi publicado um outro artigo que apresentou a teoria de modelos de efeitos aleatórios para dados longitudinais (Laird & Ware 1982), aplicado a estudos envolvendo a poluição do ar sobre a saúde. Após esta publicação, vários outros artigos, desde meados da década de 80, vêm sendo publicados em vários ramos das ciências médicas.

No melhoramento animal, muitos trabalhos têm sido publicados sobre este tema, todavia Ptak & Schaeffer (1993) receberam o mérito de ter apresentado a primeira versão coerente da avaliação de registros de produção de leite no dia do controle, internacionalmente conhecidos como "Test Day Model". Um ano mais tarde Schaeffer & Dekkers (1994) apresentaram as bases gerais para tratar as produções de leite no dia do controle mediante o que se denomina de modelo de regressão aleatória, portanto, sendo reconhecido como o primeiro trabalho propondo a aplicação da teoria proposta por Henderson Jr. (1982). A partir desta publicação têm-se gerado uma grande quantidade de resultados de aplicação de modelos de regressão aleatória a dados de produção em animais domésticos.

Os modelos de regressão aleatória têm sido propostos como uma alternativa para modelar características longitudinais e têm sido amplamente estudados em algumas espécies de animais domésticos. Uma diferença entre os modelos de regressão aleatória e os tradicionais modelos animais (repetibilidade e multicaracterística) está na inclusão de colunas de covariáveis na matriz de incidência dos efeitos aleatórios, em substituição às colunas de zero e um. Em comparação aos modelos multicaracterística, que fornecem

predições para determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para qualquer ponto da curva de crescimento e para funções da curva.

Considerando-se o modelo de regressão aleatória, ajusta-se uma curva de regressão fixa para modelar a trajetória média da população e, no mínimo, mais duas equações de regressão aleatória, uma para o efeito genético direto e outra para o ambiente permanente de animal, pelo fato de existirem medidas repetidas em um mesmo animal. Assim, a curva genética de cada indivíduo é predita como desvio da trajetória média da população, regressão fixa. Desta forma, ao invés de valores genéticos para determinados pontos da curva de crescimento, em idades consideradas como padrão, são preditos valores genéticos para os coeficientes de regressão genéticos. A partir destes, pode-se descrever a curva de crescimento genético de cada animal e encontrar DEP's para qualquer idade desejada, mesmo para idades que o animal não tenha sido mensurado, desde que estas estejam dentro do intervalo de idades avaliadas.

A utilização dos modelos de regressão aleatória, em avaliações genéticas, comparado aos modelos tradicionais, apresenta, ainda, as seguintes vantagens: permite a utilização de dados de animais com apenas uma observação (Schaeffer & Dekkers, 1994); abrangem todo intervalo contínuo em que as medidas forem tomadas, permitindo predizer o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo (Kirkpatrick & Hecman, 1989); permite a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o relacionamento existente entre os animais; podem-se utilizar mais eficientemente as informações disponíveis, sem a necessidade de empregar ajustes arbitrários para idades consideradas como padrão (Meyer & Hill, 1997); permite estimação de um menor número de parâmetros, principalmente quando se objetiva obter parâmetros genéticos entre várias características analisadas simultaneamente (Veerkamp & Goddard, 1998; Pool & Meuwissen, 1999); os efeitos de ambiente peculiar a cada pesagem podem ser considerados na análise (Jamrozik & Schaeffer, 1997).

Vários autores têm mostrado aplicações dessa metodologia usando dados de bovinos de corte, entre eles Meyer (1999 e 2000), onde a autora afirma que os modelos de regressão aleatória são apropriados para análises de crescimento corporal, e Sakaguti et al. (2003), no qual os autores verificaram

que os modelos de regressão aleatória apresentaram melhor ajuste aos dados, permitindo estimar valores genéticos e componentes de variância em qualquer idade.

No caso de ovinos de corte, poucos estudos têm utilizado os modelos de regressão aleatória na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos. Lewis & Brotherstone (2002), ao estudarem o crescimento de cordeiros da raça Suffolk, modelaram as regressões fixas e aleatórias por meio de polinômios ortogonais de Legendre, sendo que o melhor ajuste foi obtido pelo modelo de ordem cinco para os efeitos genético direto e de ambiente permanente e de ordem três para o efeito materno (sem particioná-lo em genético e ambiente permanente). As herdabilidades estimadas aumentaram dos 15 aos 150 dias de idade, as quais variaram de 0,10 a 0,33. Os mesmos autores comentaram que esta metodologia é uma ferramenta poderosa e flexível na avaliação de medidas repetidas para determinar o mérito genético dos animais.

Fischer et al. (2004), em cordeiros Poll Dorset, modelaram as regressões aleatórias por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordens três, dois, três e três, respectivamente, para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambientes permanentes de animal e da mãe. As estimativas de herdabilidades foram crescentes dos 50 aos 500 dias de idade, variando de aproximadamente 0,15 a 0,47.

Posteriormente, Sarmiento et al. (2006a) estudaram o crescimento de ovinos da raça Santa Inês usando modelos de regressão aleatória ajustados por meio de polinômios de Legendre quadrático ou cúbico para a curva fixa e para os efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise (efeitos genéticos direto e materno e de ambiente permanente de animal). Os autores verificaram que o modelo de maior ordem foi mais adequado às avaliações genéticas para as características de crescimento estudadas. As herdabilidades estimadas para os pesos do nascimento aos 196 dias idade foram crescentes e variaram de 0,004 a 0,28.

Ao compararem modelos de regressão aleatória quanto à inclusão dos efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, Sarmiento et al. (2004) verificaram que a inclusão do efeito genético materno proporcionou melhor ajuste do modelo aos dados; já quando incluíram o efeito de ambiente

permanente materno, os critérios de informação de Akaike (AIC) e o Bayesiano de Schwarz (BIC) não indicaram melhoria de ajuste. Entretanto, esses autores comentaram que apesar de nenhum dos critérios terem evidenciado a importância do ambiente permanente materno, a variância genética aditiva materna foi ligeiramente inflacionada, refletindo em herdabilidades maternas mais altas, quando este efeito não foi considerado no modelo de análise, principalmente na fase pré-desmame.

A utilização dos modelos de regressão aleatória em avaliações genéticas da curva de crescimento requer o ajuste de uma função contínua fixa, que é denominada de trajetória média de crescimento (Kirkpatrick et al., 1990), para representar a tendência de crescimento do peso corporal médio da população. As curvas aleatórias de cada animal são obtidas como desvio da trajetória média de crescimento (regressão fixa). Desta forma, modelar corretamente a trajetória média em modelos de regressão aleatória é imprescindível. Embora alguns trabalhos tenham sido realizados com ovinos de corte, os mesmos direcionaram esforços na tentativa de investigar a modelagem da parte aleatória, dando pouca atenção à modelagem da parte fixa.

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

Sakaguti et al. (2003), ao ajustarem polinômios ortogonais na estimação de funções de covariância, verificaram que, ao ajustar uma função de ordem

máxima igual a sete, gerou ondulações na superfície de covariâncias não explicáveis, o que segundo os autores dificultou a interpretação biológica do crescimento dos animais. Os mesmos autores verificaram, também, que modelos de ordens de ajuste menor que seis tenderam a subestimar as (co)variâncias genéticas dos pesos dos animais nas idades mais avançadas. Já a superfície descrita pelo modelo de ordem de ajuste igual a seis percorreu pontos próximos aos valores estimados para as idades-padrão e suas ondulações pareceram ter maior coerência com o comportamento do crescimento. O mau comportamento das funções de covariâncias no início ou no final de uma trajetória pode ser causado pela falta de um modelo correto para todos os componentes de variância (Van Der Werf, 1998) ou devido ao menor número de observações nessas regiões (Strabel & Misztal, 1999).

Utilizando modelos de regressão aleatória para modelar as covariâncias de características de crescimento de bovinos da raça Nelore, Albuquerque & Meyer (2001) verificaram que um modelo com as ordens 6, 6, 6 e 4, respectivamente, para os efeitos genéticos direto e materno e de ambiente permanente do animal e materno foi indicado para modelar as variâncias nos dados. Entretanto, um modelo mais parcimonioso, com as ordens 4, 4, 6 e 3, para os mesmos efeitos e na mesma ordem pode ser utilizado sem prejuízos na modelagem.

A correta partição da variância total nas variâncias devido aos efeitos contidos no modelo de regressão aleatória é imprescindível, uma vez que alguns efeitos, quando mal modelados, podem influenciar as estimativas de outros efeitos incluídos no modelo. Em alguns estudos, por exemplo, o efeito de ambiente permanente foi modelado com variância homogênea. Isso mostrou ter influência na estimativa das variâncias dos demais efeitos do modelo. Cobuci et al. (2005), ao comparem dois modelos que consideravam a variância para o efeito de ambiente permanente homogênea e heterogênea, verificaram que quando este foi mantido constante houve superestimação da variância genética aditiva. Os resíduos, em muitos estudos, também foram modelados considerando homogeneidade, o que pode, também, influenciar os demais componentes de variância, como verificado por Sarmiento et al. (2005).

Mais recentemente, várias estruturas para modelar as variâncias residuais têm sido utilizadas, considerando-a heterogênea para idades distintas. As

estruturas mais empregadas têm sido classes de variâncias heterogêneas, formadas de acordo com as idades, ou por meio de funções de variâncias usando polinômios ordinários ou ortogonais, como ajustado por Albuquerque (2003). Sarmento et al. (2005), ao compararem modelos que consideraram homogeneidade e heterogeneidade de variância residual no ajuste da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês, verificaram que houve melhor ajuste das variâncias nos dados quando um modelo contendo três classes de variâncias heterogêneas foi ajustado. Entretanto, outros estudos são necessários, os quais devem esclarecer qual a melhor estrutura para modelar a variância residual, seja por meio de um número maior de classes ou por meio do emprego funções de variâncias.

Segundo Martins (2002), se informações sobre determinada característica, em uma população, são disponíveis, a definição da metodologia e do modelo adequado à descrição das informações é o primeiro passo na execução da avaliação genética. De modo geral, percebe-se que a literatura ainda é muito escassa em relação a estudos de características de crescimento de ovinos de corte empregando modelos de regressão aleatória. Desta forma, torna-se necessário o emprego desta metodologia nos estudos genéticos do crescimento de ovinos, buscando esclarecer a ordem apropriada de ajuste das funções polinomiais para a regressão fixa e para os diferentes efeitos aleatórios e a melhor estrutura de variância para modelar os resíduos.

Referências Bibliográficas

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- ALBUQUERQUE, L.G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. Jaboticabal: UNESP, 2003. 83p. Tese (LIVRE-DOCENTE)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. 2003.
- ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5, 2004, Pirassununga, SP, **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004, (CD-ROM).
- ANUÁRIO ESTATÍSTICO DO BRASIL. **IBGE**. <http://www.sidra.ibge.gov.br/cgi-bin>. Acessado em maio de 2006.
- ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N. et al. Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35 n.3, p.967-974, 2006.
- ASSIS, G.M.L.; ALBUQUERQUE, L.G.; SARMENTO, J.L.R. et al. Estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros por meio de análise de regressão aleatória, utilizando-se a Amostragem de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.706-714, 2006.
- BATHAEI, S.S.; LEROY, P.L. Genetic and phenotypic aspects of the growth curve characteristics in Mehraban Iranian fat-tailed sheep. **Small Ruminants Research**. v.29, p.261-269, 1998.
- BOUJENANE, I.; KANSARI, J. Estimates of (co)variances due to direct and maternal effects for body weights in Timahdite sheep. **Animal Science**, 74:409-414, 2002.
- BREDA, F.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; YAMAKI, M. et al. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de cabras da raça Alpina. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.396-404, 2006.
- COBUCI, J.A; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S. et al. Estimation of genetic parameters for test day milk yield in Holstein cows using random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.1, p.75-83, 2005.

- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Predição de valores genéticos para a produção de leite no dia do controle e para produção acumulada até 305 dias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.496-507, 2005.
- FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J.H.J.; BANKS, R.G. et al. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v.89, p.175-185, 2004.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF UNITED NATION PRODUCTION - **FAO**. FAOSTAT Database Collections. <http://apps.fao.org/page/collections>. Acessado em maio de 2007.
- HENDERSON Jr., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**. v.38, p.623-640, 1982.
- HUISMAN, A.E.; VEERKAMP, R.F.; VAN ARENDONK, J.A.M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.575-582, 2002.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226, 1997.
- KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p. 979-993, 1990.
- LAIRD, N.M.; WARE, J.H. Random-effects for longitudinal data. **Biometrics**, v.38, p.963-974, 1982.
- LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.
- LEWIS, R.M.; EMMANS, G.C.; DINGWALL, W.S. et al. A description of the growth of sheep and its genetic analysis. **Animal Science**, v.74, p.51-62, 2002.
- LOPES, P.S. Perspectivas do melhoramento genético de suínos. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 41, 2004, Campo Grande, MS, **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004, (CD-ROM).
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 39, 2002, Recife, PE, **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002, (CD-ROM).
- MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.

- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics, Selection and Evolution**, v. 30, p. 221-240, 1998.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, v.116, p.181-203, 1999.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- MEYER, K. Random regression models for analyses of longitudinal data in animal breeding. In: Session of the International Statistical Institute, 54, 2003, Berlin, **Proceedings...** Berlin: International Statistical Institute, 2003 (CD-ROM).
- 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.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.
- OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B.; PEREIRA, C.S. Comparação de modelos não-lineares para descrever o crescimento de fêmeas da raça Guzerá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, p.1843-1851, 2000.
- PEROTTO, D.; CUE, R.I.; LEE, A.J. Comparison of nonlinear functions for describing the growth curve of three genotypes of dairy cattle. **Canadian Journal of Animal Science**. v.72, p.753-782, 1992.
- POOL, M. H.; MEUWISSEN, T. H. E. Prediction of daily mil yields from a limited number of test days using test day model. **Journal of Dairy Science**, v.82, p.1555-1564, 1999.
- PTAK, E.; SCHAEFFER, L. R. Use of test day yields for genetic evaluation in dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v.34, p.23-34, 1993.
- SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariância e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. Viçosa; UFV, 2000. 81p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864-874, 2003.
- SANTORO, K.R.; BARBOSA, S.B.P.; SANTOS, E.S. et al. Uso de funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos Nelore criados no estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.2290-2297, 2006.
- SARMENTO, J.L.R. **Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003. 67p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2003.

- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 41, 2004b, Campo Grande, MS, **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004, (CD-ROM).
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Parâmetros genéticos de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variâncias residuais. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 42, 2005, Goiânia, GO, **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005, (CD-ROM).
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.1, p.68-77, 2006a.
- 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, 2006b.
- SARMENTO, J.L.R.; REGAZZI, A.J.; SOUSA, W.H. et al. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.435-442, 2006c.
- SCHAEFFER L. R. 1997. Randon regression. <http://chuck.agsci.colostate.edu/wais/logs/agdq869258263.html>. Acessado em dezembro de 2001.
- SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: World congress genetic applied livestock production, 5, 1994, Guelph, ON, Canada, **Proceedings...**, p.443-446, 1994.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G. et al. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1252-1262, 1999.
- SOUSA, W. H.; LOBO, R. N. B.; MORAIS, O. R. Ovinos Santa Inês: Estado de Arte e Perspectivas. In: SINPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE CAPRINOS E OVINOS DE CORTE, 2, 2003, João Pessoa, **Anais...** João Pessoa: SINCORTE, 2003, CD-ROM.
- STRABEL, T.; MISZTAL, I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.82, p.2805-2810, 1999.
- VAN DER WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random regression in animal breeding**. Course Notes, Ontario: University of Guelph, 70p., 1997.

VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**, v.81, p.3300-3308, 1998.

VEERKAMP, R.F.; GODDARD, M.E. Covariance function across herd production levels for test day records en milk, fat, and protein yields. **Journal of Dairy Science**, v.81, p.1690-1701, 1998.

Capítulo 1

Efeito materno sobre a curva de crescimento de ovinos Santa Inês por meio de modelos de regressão aleatória

Resumo: Utilizaram-se 17.767 registros de pesos de 4.210 cordeiros da raça Santa Inês com o objetivo de avaliar a importância do efeito materno na estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos resultantes, para a curva de crescimento, por meio de modelos de regressão aleatória. As regressões fixas e aleatórias foram ajustadas por meio de polinômios de Legendre de ordem três, ajustando-se quatro modelos que diferiram quanto à inclusão dos efeitos genético aditivo materno e ambiente permanente materno. Observou-se considerável aumento no Log L e diminuição nos critérios AIC e BIC quando se adicionou o efeito materno (genético ou ambiente permanente), evidenciando sua importância. O efeito genético materno explicou maior proporção da variância fenotípica que o ambiente permanente materno ao longo da curva de crescimento. A variância genética aditiva direta foi inflacionada pelo efeito materno, quando este não foi considerado no modelo de análise, refletindo o mesmo comportamento nas herdabilidades. Da mesma forma, o efeito de ambiente permanente materno contribuiu para a variância materna, inflacionando a variância genética materna, quando não foi considerado no modelo. Comportamento semelhantemente foi verificado com a herdabilidade materna. As correlações estimadas pelos quatro modelos praticamente não diferiram em função do efeito materno. Assim, o efeito materno deve ser considerado nos estudos genéticos da curva de crescimento da população em estudo e deve ser particionado em seus componentes genético e ambiente permanente.

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

Introdução

Em muitas espécies mamíferas, como é o caso de ovinos, as características relacionadas com o crescimento, principalmente até a desmama, não são influenciadas apenas pelos genes do próprio indivíduo para crescimento e pelo ambiente que o mesmo foi criado, mas também pela composição genética materna e o ambiente proporcionado pela mãe (Ekiz, 2005). O genótipo da ovelha afeta o fenótipo do cordeiro por meio de uma amostra de metade de seus genes aditivos para crescimento como também através de seu genótipo para efeito materno (Meyer, 1992). A produção de leite da ovelha, o ambiente intra-uterino e a habilidade materna são os componentes determinantes do efeito materno o que é influenciado pelo genótipo e pelo ambiente. Todavia, a capacidade genética para produção de leite é, normalmente, considerada o fator mais importante (Meyer, 1994). Além disso, influências de ambiente materno podem ser originadas a partir de fatores comuns a todos os partos de uma ovelha, mas não de origem genética (efeito de ambiente permanente materno) ou fatores específicos a um parto (efeito temporário de ambiente – efeito comum de ninhada).

De modo geral, a literatura ainda é escassa no que diz respeito a estimativas de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos resultantes para características de desempenho em ovinos de corte. Nos últimos anos, tem-se empregado, para estimação de componentes de (co)variância, a metodologia da máxima verossimilhança restrita, sob modelo animal, em análises uni ou multicaracterísticas (Sousa et al., 1999; Naser et al., 2001; Quesada et al., 2002; Boujenane e Kansari, 2002; e Sarmiento et al., 2006b) e, mais recentemente, em análises de regressão aleatória (Lewis & Brotherstone, 2002; Fischer et al., 2004; e Sarmiento et al., 2006a).

As análises de regressão aleatória têm se tornado a metodologia padrão para análises de características longitudinais (características com medidas repetidas representando pontos em uma trajetória) no melhoramento animal. Ao se modelar a curva de variâncias como uma regressão em função de uma covariável contínua, os modelos de regressão aleatória são facilmente implementados em análises de modelos lineares mistos (Meyer, 2005a). Aplicações desses modelos em ovinos de corte são escassas e os poucos

trabalhos encontrados na literatura têm diferido quanto à inclusão do efeito materno (genético e/ou ambiente permanente) nos modelos de análises.

Lewis & Brotherstone (2002), ao modelarem as variâncias relacionadas com o crescimento de ovinos Suffolk por meio de regressão aleatória, compararam diferentes modelos, alguns diferindo quanto ao ajuste ou não do efeito materno (quando considerado, a variância materna não foi particionada em seus componentes genético e ambiental). Os autores comentaram que a não inclusão deste efeito no modelo de análise inflacionou as variâncias genéticas aditivas diretas estimadas e, conseqüentemente, as herdabilidades resultantes. Já Fischer et al. (2004), estudando a curva de crescimento de cordeiros Poll Dorset, incluíram quatro efeitos aleatórios no modelo estatístico, ou seja, quatro conjuntos de regressão aleatória, devido aos efeitos genéticos aditivos direto e materno e aos efeitos de ambientes permanentes de animal e materno. Posteriormente, Sarmiento et al. (2006a) descreveram as variâncias associadas com a curva de crescimento de cordeiros Santa Inês usando modelos com três conjuntos de regressões aleatórias, relativos aos efeitos genéticos aditivos direto e materno e ao efeito ambiente permanente de animal, ou seja, o efeito materno não foi decomposto em seus componentes genéticos e de ambiente permanente.

Desta forma, o objetivo do trabalho foi investigar a importância do efeito materno (genético e ambiente permanente) na estimação dos componentes de (co)variância e nos parâmetros genéticos resultantes de modo a determinar o modelo mais apropriado para estudar a curva de crescimento de ovinos Santa Inês, utilizando modelos de regressão aleatória.

Material e Métodos

Descrição dos dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de três rebanhos experimentais de ovinos da raça Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Caprinos e EMBRAPA Tabuleiros Costeiros), relativos ao período de 1983 a 2005.

O arquivo inicial constava de 23.198 registros de pesos em diferentes idades, mensurados, em média, a cada 28 dias de idade. Foram consideradas

para análise informações de cordeiros pesados até 196 dias de idade; nascidos de parto simples e duplo; peso médio diário dentro da média de todos os animais de mesmo grupo contemporâneo \pm três desvios padrão; e pertenciam a grupos de contemporâneos com no mínimo cinco animais. A definição de grupo contemporâneo incluiu: rebanho, ano e estação da pesagem, sexo do cordeiro, tipo de nascimento e classes de idade. Foram definidas duas estações de pesagem: estação chuvosa (março a julho) e estação seca (agosto a fevereiro).

As classes de idade, agrupadas a cada 28 dias (totalizando oito classes), foram incluídas nos grupos de contemporâneos, como sugerido por Meyer (2005b), para diminuir a amplitude de idades dos animais comparados diretamente dentro de cada grupo. Essa decisão foi tomada com base na constatação, em análises prévias, de amplitude elevada de idades dentro dos grupos de contemporâneos formados anteriormente sem as classes, o que refletiu diretamente na elevação, exacerbada, da variância fenotípica. Após a edição, montaram-se os arquivos de dados e de pedigree, os quais apresentaram a estrutura resumida apresentada na Tabela 1.

Tabela 1 - Resumo da estrutura dos dados

Informação	Número
Dados	17.767
Animais com observações	4.210
Com 1 observação	802
Com 2 observações	760
Com 3 observações	194
Com 4 observações	562
Com 5 observações	605
Com 6 observações	95
Com 7 observações	518
Com 8 observações	675
Reprodutores	130
Matrizes	1.552
Animais na matriz de parentesco	5.357
Grupos de contemporâneos	1.112

Como a idade variou do nascimento aos 196 dias de idade, com animais pesados em média a cada 28 dias, o número de animais em algumas idades era pequeno. Desta forma, para aumentar o número de animais em cada idade,

as mesmas foram agrupadas a cada três dias, a partir dos 112 dias, totalizando 151 classes de idade, incluindo o nascimento. Os pesos médios e a frequência para cada classe estão apresentados na Figura 1. Observa-se que em algumas idades o número de observações é bem maior. Isso ocorreu pelo fato de um rebanho pesar os animais ao completarem determinadas idades.

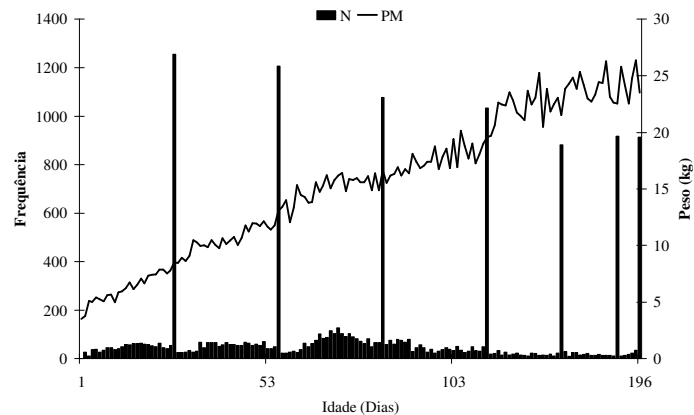


Figura 1 - Número de observações (N) e peso médio observado (PM) para as idades à pesagem em intervalo de 3 dias, a partir dos 112 dias de idade, omitindo 4.093 observações de peso ao nascer.

Práticas de manejo

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

Os animais foram submetidos a um período de monta controlada, com duração de 42 a 60 dias, iniciando, normalmente, no mês de outubro, novembro ou dezembro, época seca, fazendo com que o terço final da gestação e parte da lactação coincidisse com a época chuvosa. Nesse

período, as ovelhas receberam suplementação alimentar, devido à estacionalidade na produção de forragem.

Modelos e análises

Os pesos foram analisados por meio de modelos animais, unicaracterísticas, de regressão aleatória. As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, cujas idades foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre de ordem três (quadrático), ajustando-se quatro modelos, os quais variaram quanto à inclusão dos efeitos aleatórios genético aditivo materno e ambiente permanente materno, como segue:

$$\text{Modelo 1: } y_{ij} = F + \sum_{m=1}^3 \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^3 \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \rho_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

$$\text{Modelo 2: } y_{ij} = F + \sum_{m=1}^3 \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^3 \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \rho_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \delta_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

$$\text{Modelo 3: } y_{ij} = F + \sum_{m=1}^3 \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^3 \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \rho_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \gamma_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

$$\text{Modelo 4: } y_{ij} = F + \sum_{m=1}^3 \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^3 \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \rho_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \gamma_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \delta_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ij} é o peso no $j^{\text{ésimo}}$ dia do $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; F refere-se a um conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (1.112 subclasses) e pela covariável idade da ovelha ao parto, efeitos linear e quadrático; β_m é o $m^{\text{ésimo}}$ coeficiente de regressão fixo do peso sobre o polinômio de Legendre para modelar a curva média de crescimento da população; α_{im} , γ_{im} , δ_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para o $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; ϕ_m é a $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre da idade padronizada ($-1 < \text{idade} < 1$); e ε_{ij} denota o efeito aleatório residual.

Na forma matricial, o modelo completo anterior, com suas respectivas pressuposições, pode ser escrito como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + Z_4q + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ m \\ q \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \begin{aligned} \text{Var}(a) &= K_a \otimes A, \\ \text{Var}(c) &= K_c \otimes I_{N_d}, \\ \text{Var}(m) &= K_m \otimes A, \\ \text{Var}(q) &= K_q \otimes I_{N_m}, \\ \text{Var}(e) &= R; \end{aligned}$$

em que y é um vetor de N observações referentes a N_d animais; b é um vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes b_m da regressão fixa; a é um vetor $k_a \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que $N_D > N_d$ denota o número total de animais na análise, ou seja, na matriz de parentesco (5.357); c é um vetor $k_c \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória ambiente permanente de animal; m é um vetor $k_m \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos; q é um vetor $k_q \times N_m$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno, sendo N_m igual ao número de fêmeas que têm progênies com dados; ε é um vetor de erros aleatórios; X , Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 referem-se às matrizes de incidência dos efeitos fixos, genético aditivo direto, ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente. K_a , K_c , K_m e K_q são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente; A é a matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; I_{N_d} é uma matriz identidade de dimensão N_d ; I_{N_m} é uma matriz identidade de dimensão N_m ; \otimes o produto de Kronecker; R uma matriz diagonal de variâncias residuais.

A variância residual foi considerada homogênea durante toda curva de crescimento. A covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno foi assumida como sendo igual a zero.

As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente de animal e materno, conforme o modelo ajustado foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o programa DXMRR do software DFREML (Meyer, 1998).

Os efeitos aleatórios como proporção da variância fenotípica (considerando o modelo completo, modelo 4) para cada peso no dia t da

pesagem, foram obtidos como segue: $\hat{h}_{t_i}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2}{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{c_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{m_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{q_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{e_i}^2}$,

$$\hat{c}_{t_i}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{c_{t_i}}^2}{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{c_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{m_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{q_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{e_i}^2}, \quad \hat{m}_{t_i}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{m_{t_i}}^2}{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{c_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{m_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{q_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{e_i}^2},$$

$$\hat{q}_{t_i}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{q_{t_i}}^2}{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{c_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{m_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{q_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{e_i}^2}; \text{ as correlações entre os pesos nos diferentes}$$

dias de pesagem, t_i e t_j , foram estimadas por: $r_{a_{t_i t_j}} = \frac{\hat{\sigma}_{a_{t_i t_j}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 * \hat{\sigma}_{a_{t_j}}^2)}}$,

$$r_{c_{t_i t_j}} = \frac{\hat{\sigma}_{c_{t_i t_j}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{c_{t_i}}^2 * \hat{\sigma}_{c_{t_j}}^2)}}, \quad r_{m_{t_i t_j}} = \frac{\hat{\sigma}_{m_{t_i t_j}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{m_{t_i}}^2 * \hat{\sigma}_{m_{t_j}}^2)}} \text{ e } r_{q_{t_i t_j}} = \frac{\hat{\sigma}_{q_{t_i t_j}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{q_{t_i}}^2 * \hat{\sigma}_{q_{t_j}}^2)}}. \text{ As estimativas}$$

de (co)variância para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente de animal e materno para o peso no dia t foram obtidas por:

$$\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 = Z_{t_i}' \hat{K}_a Z_{t_i}, \quad \hat{\sigma}_{m_{t_i}}^2 = Z_{t_i}' \hat{K}_m Z_{t_i}, \quad \hat{\sigma}_{c_{t_i}}^2 = Z_{t_i}' \hat{K}_c Z_{t_i}, \quad \hat{\sigma}_{q_{t_i}}^2 = Z_{t_i}' \hat{K}_q Z_{t_i}, \quad \hat{\sigma}_{a_{t_i t_j}} = Z_{t_i}' \hat{K}_a Z_{t_j},$$

$$\hat{\sigma}_{m_{t_i t_j}} = Z_{t_i}' \hat{K}_m Z_{t_j}, \quad \hat{\sigma}_{c_{t_i t_j}} = Z_{t_i}' \hat{K}_c Z_{t_j} \text{ e } \hat{\sigma}_{q_{t_i t_j}} = Z_{t_i}' \hat{K}_q Z_{t_j} \text{ com } i=1, \dots, 196 \text{ e } j=1, \dots,$$

196. Para os demais modelos, as herdabilidades e correlações foram obtidas de forma semelhante, porém suprimindo o efeito não considerado no modelo.

As comparações entre os modelos foram feitas com base nos valores dos Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC), logaritmo da função de verossimilhança (Log L) e teste da razão de verossimilhança (LRT), ao nível de 1% de probabilidade, para averiguar a existência de diferenças entre os modelos estudados. Os critérios AIC e BIC foram obtidos por: $AIC = -2 \log L + 2p$ e $BIC = -2 \log L + p \log(N - r)$ em que p refere-se ao número de parâmetros do modelo, N é o número total de observações e r é o posto da matriz de incidência para os efeitos fixos. Menores valores de AIC e BIC e maiores para o Log L indicam modelos mais adequados. A estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão: $LRT_{ij} = 2 \log L_i - 2 \log L_j$, em que $\log L_i$ é o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo i e $\log L_j$ o máximo da função de verossimilhança para o

modelo reduzido j. A estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com d graus de liberdade e nível de significância de 1%, sendo d a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido (aninhados). As conclusões foram feitas da seguinte maneira: se $LRT > \chi^2_{(0,01; d)}$, o teste era significativo e o modelo completo forneceria melhor ajuste em relação ao modelo reduzido. A hipótese de nulidade testada foi de que os modelos completo e reduzido não diferiam entre si.

Para averiguar se a variância fenotípica não estava sendo influenciada pela adição dos efeitos aleatórios em estudo, ajustou-se um modelo regressão aleatória fenotípico de mesma ordem dos modelos anteriores, considerando somente o efeito global de animal, ou seja, não foi feita a partição da variância fenotípica em seus componentes genéticos e de ambiente permanente, desconsiderando o parentesco entre os animais. Além disso, a variância fenotípica foi comparada à estimada por um modelo animal, em análises unicaracterística, para pesos em diferentes idades.

Avaliaram-se, também, o comportamento das estimativas das variâncias fenotípica, genética aditiva direta e materna, ambiente permanente de animal e materno, herdabilidades e correlações quando da inclusão ou não dos efeitos maternos.

Resultados e Discussão

Os resultados apresentados na Tabela 2 indicam que a inclusão do efeito genético materno ou do efeito de ambiente permanente materno proporcionou melhoria significativa ($P < 0,01$) no ajuste do modelo aos dados. Comparando, inicialmente, os modelos 1 e 2 (Tabela 2), observa-se que a inclusão do efeito de ambiente permanente materno (modelo 2) proporcionou aumento no Log L ($P < 0,01$, pelo LRT) e diminuição nos valores de AIC e BIC, indicando que houve melhoria na qualidade de ajuste aos dados, quando comparado ao modelo 1, que incluiu apenas os efeitos genético aditivo direto e ambiente permanente de animal. Resultado semelhante foi verificado por Lewis & Brotherstone (2002), ao incluírem o efeito materno, sem particioná-lo em genético e ambiente permanente.

Comparando os modelos 1 e 3 (Tabela 2), pode-se observar considerável aumento no Log L quando se adicionou o efeito genético materno. Aplicando-se o teste de razão de verossimilhança constatou-se diferença significativa entre os mesmos ($P < 0,01$). Semelhantemente, os critérios de informações AIC e BIC diminuíram, evidenciando a importância desse efeito nos modelos para estudar a curva de crescimento de ovinos Santa Inês, corroborando os achados de Sarmiento et al. (2006b) ao utilizarem um modelo animal em análises unicaracterística. Confrontando os modelos 2 e 3 em relação ao 1 (Tabela 2), observou-se que o modelo 3 apresentou maior valor de Log L e menores de AIC e BIC que o modelo 2, sugerindo que a inclusão do efeito genético materno explicou maior proporção da variância fenotípica que o ambiente permanente materno ao longo da curva de crescimento, semelhante ao verificado por Maniatis & Pollott (2002) em ovinos Suffolk, utilizando modelo animal em análises unicaracterística.

Tabela 2 – Número de parâmetros (NP), logaritmo da função de verossimilhança (Log L), AIC, BIC, variância residual (VR) e teste da razão de verossimilhança (LRT) de acordo com o modelo ajustado

Modelo	NP	Log L ¹	AIC ¹	BIC ¹	VR	LRT
1	12	-63	106	60	0,9823	(2-1) 102*
2	18	-12	16	16	0,9800	(3-1) 118*
3	18	-4	0	0	0,9776	(4-2) 24*
4	24	0	4,2	51	0,9774	(4-3) 8 ^{ns}

¹ Valores expressos como desvio do melhor valor. * Significativo a 1% de probabilidade. ^{ns} Não significativo.

No modelo 4, os dois efeitos foram incluídos ao mesmo tempo (Tabela 2). Com este modelo, obteve-se o menor valor do Log L, sugerindo melhor ajuste aos dados, apesar deste não diferir do modelo 3 ($P > 0,05$) pelo LRT. Da mesma forma, com base nos valores do AIC e BIC, este modelo não foi o melhor (Tabela 2), indicando que o modelo 3 proporcionou melhor ajuste. Estes dois últimos critérios penalizam modelos mais parametrizados, sendo a penalização do BIC mais rigorosa.

A inclusão do efeito de ambiente permanente materno no modelo além do efeito genético materno (comparando os modelos 3 e 4), não proporcionou melhoria no ajuste, segundo o LRT, AIC e o BIC; pelo contrário, de acordo com

os dois últimos critérios houve decréscimo na qualidade de ajuste. Já ao comparar os modelos 2 e 4, ou seja, inclusão do efeito genético materno quando o efeito de ambiente permanente materno já estava presente, houve, com base no AIC, melhoria de ajuste, fato não constatado pelo BIC. Ao observar os valores calculados do LRT, observa-se que o valor calculado entre os modelos 2 e 4 ($P < 0,01$) foi maior que o valor calculado entre os modelos 3 e 4 ($P > 0,05$), sugerindo, também, que o efeito de ambiente permanente materno, para o conjunto de dados utilizado, foi menos importante que o efeito genético materno.

Pelos resultados apresentados na Tabela 2, o modelo 3, que incluiu três conjuntos de regressão aleatória – genético aditivo direto, ambiente permanente de animal e genético aditivo materno, foi suficiente para ajustar a variância nos dados. Apesar da indicação anterior, optou-se por analisar os componentes de variância estimados e os parâmetros genéticos resultantes obtidos pelos quatro modelos estudados.

As análises a nível fenotípico foram executadas para examinar o comportamento das estimativas de variância fenotípica sob os diferentes modelos ajustados, ou seja, avaliar possíveis problemas na variância total quando da inclusão dos efeitos aleatórios estudados. Como se esperava, os quatro modelos ajustaram de forma semelhante à variância fenotípica, sendo que os modelos 2, 3 e 4 praticamente não diferiram. Observa-se na Figura 2 que as variâncias estimadas foram ligeiramente maiores que as obtidas nas análises univariadas, porém de mesmo comportamento.

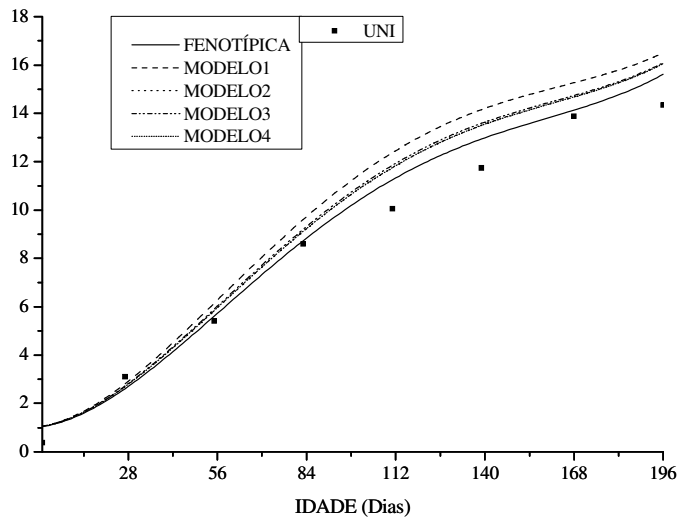


Figura 2 – Variâncias fenotípicas estimadas com os modelos de regressão aleatória ajustados e por análises unicaracterística.

As variâncias genéticas aditivas diretas estimadas com os modelos estudados diferiram entre si (Figura 3). Observou-se que as maiores variâncias genéticas aditivas direta foram estimas pelo modelo 1, que desconsiderava o efeito materno (genético e ambiente permanente). Já as estimadas pelo modelo 2 foram de menores magnitudes, com comportamento crescente tendendo a manter-se constante com aproximação do final do período estudado. Variâncias ligeiramente inferiores às obtidas pelo modelo 2 foram estimadas pelo modelo 3. As estimadas pelo modelo 4 foram muito próximas às estimadas pelo modelo 3.

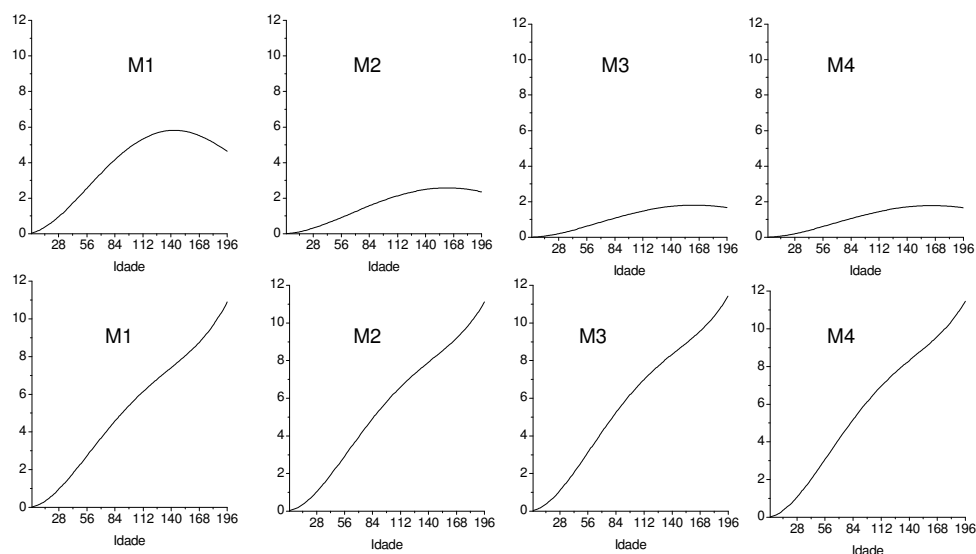


Figura 3 - Variâncias genética aditiva direta (acima) e ambiente permanente de animal (abaixo) estimadas pelos os modelos 1 (M1), 2 (M2), 3 (M3) e 4 (M4) de regressão aleatória ajustados.

Ao observar as estimativas obtidas com os modelos 3 e 4, verificou-se que, praticamente, não houve diferença ao longo da curva de crescimento, ou seja, a inclusão do efeito de ambiente permanente materno, quando o efeito genético aditivo materno já estava presente no modelo, não provocou alteração na variância genética aditiva direta.

Esses resultados sugerem que a variância genética aditiva direta pode ser aumentada pelo efeito materno, quando este não é considerado no modelo de análise, corroborando os achados de Lewis & Brotherstone (2002). A inclusão do efeito genético aditivo materno proporcionou diminuição ligeiramente maior na variância genética aditiva direta que o efeito de ambiente permanente materno, indicando que apenas a inclusão deste último efeito no modelo pode não ser suficiente para separar toda variância devido ao efeito materno (genética e ambiente permanente) da variância genética aditiva direta. Com isso, fica evidente a necessidade da inclusão do efeito genético materno nos modelos genéticos para estudar a curva de crescimento de ovinos Santa Inês. Utilizando modelos animais em análises tradicionais (uni e multicaracterísticas) Snyman et al. (1995), Maniatis & Pollott (2002) e Sarmiento et al. (2006b) reportaram resultados semelhantes.

As variâncias de ambiente permanente de animal estimada pelos quatro modelos estudados foram de magnitudes semelhantes e crescentes do nascimento aos 196 dias de idade (Figura 3). Todavia, as variâncias estimadas pelos modelos 3 e 4 foram ligeiramente superiores.

As estimativas de variâncias genéticas aditivas maternas obtidas pelos modelos 3 e 4 também diferiram (Figura 4). Com o modelo 4, a variância materna foi decomposta em seus componentes genético e ambiente permanente e, conseqüentemente, a variância do efeito genético materno foi inferior à estimada pelo modelo 3. Estes resultados sugerem que o efeito de ambiente permanente materno contribuiu para a variância materna, como também, que a variância genética materna pode ser inflacionada pela variância de ambiente permanente materno, quando esta não é considerada no modelo de análise.

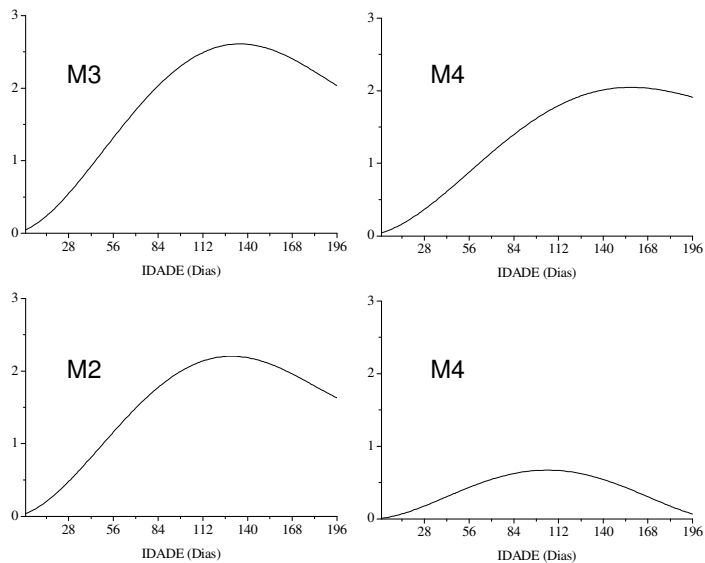


Figura 4 - Variâncias genética aditiva materna (acima) e de ambiente permanente materno (abaixo) estimadas pelos os modelos 2 (M2), 3 (M3) e 4 (M4) de regressão aleatória ajustados.

Semelhantemente, a variância de ambiente permanente materno estimada pelo modelo 2 foi superior a estimada pelo modelo 4 (Figura 4), mostrando que a variância deste efeito foi inflacionado pela presença do efeito genético aditivo materno, quando este não foi incluído no modelo de análise.

As herdabilidades estimadas para o efeito genético aditivo direto foram de baixa a média magnitude (Figura 5). Semelhantemente ao que aconteceu com as variâncias genéticas aditivas diretas, as herdabilidades estimadas por meio do modelo 2 (Figura 4) foram consistentemente menores, dado a presença da variância do efeito de ambiente permanente materno na variância genética aditiva direta estimada pelo modelo 1. Observa-se, ainda, na Figura 5 que as herdabilidades estimadas pelos modelos 3 e 4 foram muito próximas e inferiores às estimadas pelo modelo 2, porém de comportamento semelhante. Herdabilidades crescentes ao longo da curva de crescimento foram descritas, em modelos de regressão aleatória, por alguns autores Lewis & Brotherstone (2002), Fischer et al. (2004) e Sarmiento et al. (2006a).

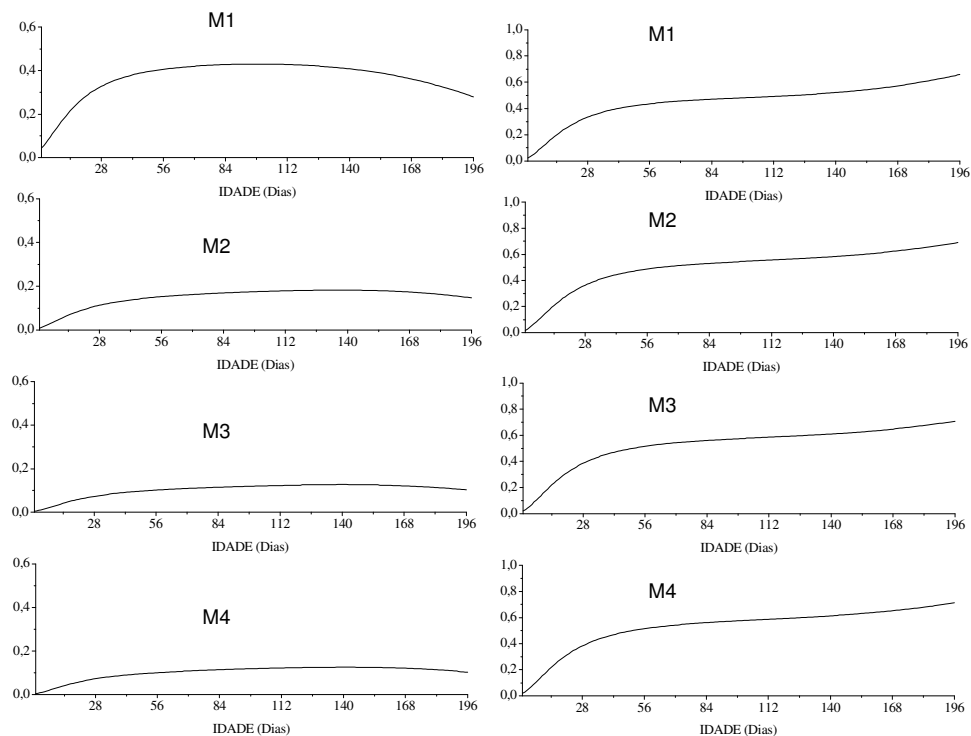


Figura 5 - Estimativas de herdabilidade direta (à esquerda) e proporção da variância fenotípica devido ao ambiente permanente de animal (à direita) estimadas pelos modelos 1 (M1), 2 (M2), 3 (M3) e 4 (M4).

As herdabilidades diretas estimadas no início da curva de crescimento foram próximas de zero e com tendência de queda no final da curva. Comportamentos inexplicáveis nas extremidades das curvas têm sido relatados por alguns autores e podem ser mais devido à falta de um modelo apropriado para ajustar cada efeito aleatório (Van Der Werf et al., 1998) e/ou devido a modelagem inadequada da variância residual (Sarmiento et al., 2005) do que a uma causa biológica. Além disso, de acordo com Strabel e Misztal (1999), esse comportamento pode ser devido ao menor número de observações no final da curva.

As herdabilidades maternas estimadas com o modelo 3 foram ligeiramente superiores às estimadas com o modelo 4. Ao incluir o efeito de ambiente permanente materno no modelo (modelo 4), observou-se redução na herdabilidade materna, mostrando que, apesar da menor influência na estimação da herdabilidade direta, o ambiente permanente materno aumentou a variância genética materna, refletindo o mesmo comportamento na herdabilidade materna, quando não considerado no modelo de análise. Herdabilidades maternas decrescentes dos 50 aos 150 dias de idade foram obtidas por Fischer et al. (2004), sendo as estimativas inferiores a 0,1. Já Sarmiento et al. (2006a) estimaram herdabilidades de 0,15 aos 56 dias e de 0,07 aos 196 dias de idade, descrevendo decrescimento ao longo da trajetória de crescimento.

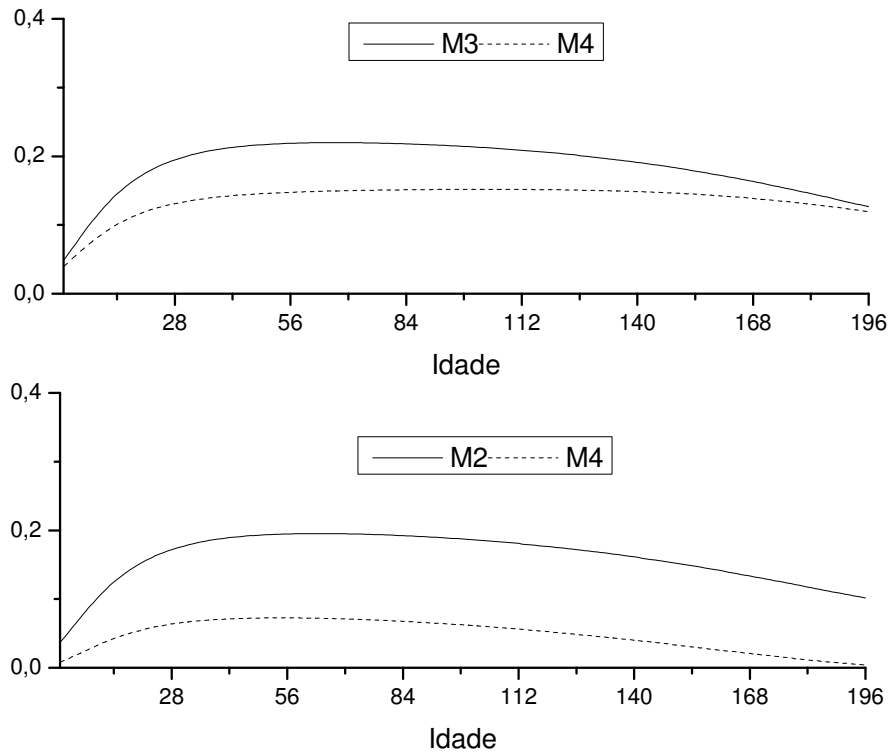


Figura 6 - Estimativas de herdabilidade materna (acima) obtidas pelos modelos 3 (M3) e 4 (M4) e proporção da variância fenotípica devido ao ambiente permanente materno (abaixo) obtidas pelos modelos 2 (M2) e 4 (M4).

As proporções das variâncias fenotípicas devido ao ambiente permanente de animal foram crescentes ao longo da curva, ocorrendo aumento mais acentuado até os 50 dias de idade (Figura 5). Resultados semelhantes dos 50 aos 200 dias de idade foram obtidos por Fischer et al. (2004), porém Sarmento et al. (2006a) obtiveram estimativas crescentes até 112 dias e decrescentes desta idade ao final da curva.

As estimativas das variâncias de ambiente permanente materno como proporções da variância fenotípica diferiram quanto ao modelo ajustado, refletindo o mesmo comportamento descrito para a variância de ambiente permanente materno. Observa-se na Figura 6 que a proporção do ambiente permanente materno diminuiu com o aumento da idade, chegando a praticamente zero no final do período estudado.

Desta forma, mesmo que os critérios AIC e BIC e o teste da razão de verossimilhança não tenham indicado a importância do ambiente permanente

materno para a curva de crescimento, verificou-se que o mesmo provocou viés na herdabilidade materna. Este resultado pode ter ocorrido devido a estrutura dos dados não ter proporcionado diferenças capazes de serem detectados pelos critérios utilizados. Assim, dependendo da estrutura dos dados e do objetivo do estudo, como por exemplo, estimar apenas herdabilidade direta sem se preocupar com a materna, o efeito de ambiente permanente materno poderia ser desprezado, dado que o genético materno explicou maior proporção da variância materna. Entretanto, se o objetivo for adotar um modelo de análise em um programa de avaliação genética para raça, faz-se necessário a inclusão do efeito de ambiente permanente materno no modelo de análise, como foi constatado na análise gráfica das estimativas de variâncias e herdabilidades obtidas com os modelos 3 e 4.

As estimativas de correlações genéticas e de ambiente permanente obtidas pelos quatro modelos pouco diferiram, motivo pelo qual não foram apresentadas. As correlações genéticas direta estimadas foram altas, muito próximas a unidade. As estimativas de correlações genéticas materna também foram altas, porém tenderam a diminuir com o aumento da distância entre as pesagens, atingindo um valor mínimo de 0,71 entre peso ao nascimento e aos 196 dias de idade.

As estimativas de correlação de ambiente permanente de animal foram altas entre pesagens adjacentes (próximas a 1), decrescendo com o aumento do tempo entre as pesagens, sendo a mínima obtida entre pesos próximos aos 15 e 196 dias de idade. As estimativas de correlações de ambiente permanente materno também foram altas, formando um plano horizontal.

De modelo geral, todas as correlações estimadas foram altas e praticamente não sofreram alteração devido à inclusão dos efeitos maternos. Todavia, os altos valores obtidos podem ser função da falta de ajuste apropriado para cada efeito aleatório e para a variância residual.

Conclusões

O efeito materno deve ser considerado nos modelos de estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos. É necessário decompor o efeito materno em seus componentes genético e de ambiente permanente.

A modelagem da herdabilidade direta ao longo da curva de crescimento foi afetada em maior proporção pela inclusão do efeito genético materno no modelo que pelo ambiente permanente materno.

As estimativas de herdabilidade materna foram afetadas pelo efeito de ambiente permanente materno.

Literatura Citada

- BOUJENANE, I.; KANSARI, J. Estimates of (co)variances due to direct and maternal effects for body weights in Timahdite sheep. **Animal Science**, v.28, p.409-414, 2002.
- EKIZ, B. Estimates of maternal effects for pre- and post-Weaning daily gain in Turkish Merino lambs. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v.29, p.399-407, 2005.
- FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J.H.J.; BANKS, R.G. et al. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v.89, p.175-185, 2004.
- LEWIS, R.M.; BROOTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.
- MANIATIS, N.; POLLOTT, G. E. Maternal effects on weight and ultrasonically measured traits of lambs in a small closed Suffolk flock. **Small Ruminant Research**, v.45, p.235-246, 2002.
- MARTINEZ, M.L; MACHADO, M.A.; SILVA, M.V.G.B. et al. Perspectivas para o melhoramento genético em bovinos de leite . In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 41, 2004, Campo Grande, MS, **Anais...** Campo Grande:Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004, (CD-ROM).
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 39, 2002, Recife, PE, **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002, (CD-ROM).
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179-204, 1992.
- MEYER, K. DXMRR – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: 6th. WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale, Australia, **Proceedings...**Armidale: University of New England, 1998. CD-ROM.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.38, p.91-105, 1994.
- MEYER, K. Advances in methodology for for random regression analyses. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.45, p.847-858, 2005a.
- MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, v.122, p.73-85, 2005b.
- NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for pre-weaning weight traits in Dorper sheep. **Small Ruminant Research**, v.40, p.197-202, 2001.

- QUESADA, M.; MCMANUS, C.; COUTO, F.A.A. Efeitos genéticos e fenotípicos sobre características de produção e reprodução de ovinos deslanados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.342-349, 2002.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Parâmetros genéticos de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variâncias residuais. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 42, 2005, Goiânia, GO, **Anais...** Goiânia:Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005, (CD-ROM).
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.1, p.68-77, 2006a.
- 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, 2006b.
- SNYMAN, M.A.; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. et al. Direct and maternal (co)variance components and heritability estimates for body weight different ages and fleece traits in Afrino sheep. **Livestock Production Science**, v.44, p.229-235, 1995.
- STRABEL, T.; MISZTAL, I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.82, p.2805-2810, 1999.
- VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**, v.81, p.3300-3308, 1998.

Capítulo 2

Modelagem da Curva Média de Crescimento de Ovinos Santa Inês em Modelos de Regressão Aleatória

Resumo: Funções polinomiais da idade de diferentes ordens foram avaliadas na modelagem da trajetória média de crescimento de ovinos Santa Inês, em modelos de regressão aleatória. As análises foram executadas, inicialmente, desconsiderando o efeito de animal. Posteriormente, análises de regressão aleatória foram realizadas incluindo-se os efeitos aleatórios de animal e da mãe (genético e de ambiente permanente). O ajuste linear proporcionou ajuste mais distante dos pontos médio observados, quando comparado às demais funções. As funções com ordens igual ou maior que três propiciaram ajustes semelhantes até os 100 dias de idade. A função cúbica proporcionou o ajuste mais próximo das médias observadas, principalmente, ao final da curva. Ordens superiores a esta tenderam a apresentar comportamento incoerente com os pesos observados. As herdabilidades diretas estimadas considerando ajuste linear foram superiores às estimadas considerando as demais funções. As mudanças no ordenamento dos animais, com base nos valores genéticos preditos empregando ajuste linear e de ordens superiores, foram pequenas; porém, a diferença na magnitude dos valores genéticos preditos foi maior, chegando a valores 77% maiores que os obtidos com a função cúbica. A função polinomial cúbica mostrou-se eficiente para descrever a curva média de crescimento.

Palavras-chave: funções polinomiais, herdabilidade, ovinos deslanados, regressão fixa, valor genético

Introdução

Os modelos de regressão aleatória (MRA) têm se tornado o procedimento padrão para a avaliação genética de dados longitudinais no melhoramento animal. Empregando os MRA em avaliações genéticas da curva de crescimento, faz-se necessário ajustar uma função contínua fixa para representar a tendência de crescimento do peso corporal médio da população, que é denominada de trajetória média de crescimento (Kirkpatrick et al., 1990). A curva de cada animal é obtida como desvio da trajetória média de crescimento (regressão fixa). Desta forma, modelar corretamente a trajetória média em modelos de regressão aleatória é imprescindível.

Embora alguns trabalhos de MRA tenham sido realizados com ovinos de corte, os mesmos direcionaram esforços na tentativa de buscar a melhor modelagem da parte aleatória, dando pouca atenção à modelagem da parte fixa. Lewis & Brotherstone (2002), estudaram o crescimento de ovinos Suffolk por meio de uma função contínua da idade de ordem cinco para descrever a curva média de crescimento da população. Fischer et al. (2004), empregaram polinômios ortogonais da idade de ordem três (quadrático), para descrever a curva de crescimento de ovinos Poll Dorsert. Todavia os autores comentaram que esta decisão foi tomada com base em análises preliminares realizadas utilizando quadrados mínimos ordinários, ignorando o efeito de animal. Posteriormente, Sarmento et al. (2006a), ao estudarem a curva de crescimento de ovinos Santa Inês, utilizaram polinômios ortogonais de Legendre de ordens três e quatro no ajuste do modelo como um todo, ou seja, da trajetória média de crescimento e das regressões aleatórias; os autores concluíram que o modelo empregando uma função contínua cúbica proporcionou melhor ajuste. Entretanto, modelar a curva fixa da mesma forma que a parte aleatória pode não ser a melhor estratégia de análise.

Em bovinos de corte, alguns autores investigaram a ordem de ajuste de funções polinomiais para representar a curva média de crescimento em modelos de regressão aleatória. Meyer (1999) estudou o crescimento pós-desmame de fêmeas de corte de duas raças bovinas na Austrália por meio de polinômios ortogonais da idade de várias ordens, empregando o método de quadrados mínimos ordinários, ignorando o efeito de animal. A autora comparou funções com ordens variando de dois até oito e concluiu que o

crescimento dos animais foi melhor descrito por uma regressão cúbica. No Brasil, Sakaguti et al. (2002) averiguaram a ordem mais apropriada de funções polinomiais da idade para descrever a curva média de crescimento de bovinos Tabapuã. Estes autores também compararam diferentes ordens em análises de quadrados mínimos ordinários e concluíram que a curva média de crescimento deve ser representada por polinômios de, pelo menos, quarta ordem. Arango et al. (2004) empregaram o procedimento de modelos mistos para encontrar a melhor ordem de ajuste da regressão fixa sobre a idade para modelar a trajetória média da população. Segundo estes autores a regressão quadrática da idade foi a ordem polinomial mais alta com efeito significativo, o que foi determinante para os autores assumirem como a ordem de melhor ajuste.

Assim, objetivou-se com este estudo avaliar a modelagem mais adequada para a trajetória média de crescimento de ovinos da raça Santa Inês por meio de funções polinomiais da idade de diferentes ordens, em modelos de regressão aleatória. Além disso, investigou-se a influência das diferentes ordens de ajuste na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos.

Material e Métodos

Descrição dos dados

Os dados utilizados neste estudo estão descritos detalhadamente no primeiro capítulo.

Modelos e análises

Inicialmente, a trajetória média da população foi ajustada por uma regressão fixa sob polinômios ortogonais da idade com ordens variando de dois a oito. As análises foram executadas por meio do método de quadrados mínimos ordinários, desconsiderando o efeito de animal. Os demais efeitos fixos considerados nesta análise foram os de grupos de contemporâneos e a idade da ovelha ao parto, como covariável linear e quadrática.

Para avaliar a adequabilidade de ajuste das funções de diferentes ordens empregaram-se os seguintes critérios: significância dos coeficientes de regressão; quadrado médio do resíduo (QMR), calculado como segue:

$QMR = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2$, em que n é o número de observações, y_i e \hat{y}_i são os

valores observados e estimados, respectivamente; percentagem quadrada de viés (PQV), proposto por Ali e Schaeffer (1987), que é dado por:

$$PQV = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i)^2} \times 100; \text{ desvio médio absoluto (DMA), que foi obtido como:}$$

$$DMA = \frac{\sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i|}{n}, \text{ proposto por Sarmiento et al. (2006b); e o coeficiente de}$$

determinação (R^2) – calculado como o quadrado da correlação entre os pesos

observados e estimados por cada função, que é equivalente a $1 - \left(\frac{SQR}{SQT_c} \right)$, em

que SQR é a soma de quadrados do resíduo e SQT_c a soma de quadrados total corrigida pela média.

Em uma segunda etapa das análises, ajustou-se um modelo de regressão aleatória fenotípico de terceira ordem, incluindo somente o efeito global de animal como aleatório, desconsiderando o parentesco entre os animais, por meio do programa DXMRR (Meyer, 1998). Para modelar a regressão fixa, empregaram-se funções polinomiais de Legendre da idade com ordens variando como descrito anteriormente. Os critérios utilizados para comparação das diferentes ordens foram os mesmos empregados na análise anterior.

Posteriormente, para avaliar a influência da ordem de ajuste empregada para representar a trajetória média da população sobre os componentes de variância estimados e os valores genéticos preditos, ajustaram-se sete diferentes modelos animais de regressão aleatória, variando-se a ordem de ajuste da regressão fixa de dois a oito. Tanto as regressões fixas como aleatórias foram representadas por funções contínuas, cujas idades foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre. Generalizando, os modelos estudados podem ser representados como segue:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=1}^{k_\beta-1} \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^3 \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \rho_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \gamma_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \delta_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ij} é o peso no $j^{\text{ésimo}}$ dia do $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; F refere-se a um conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (1.112 subclasses) e pela covariável idade da ovelha ao parto, efeitos linear e quadrático; β_m é o $m^{\text{ésimo}}$ coeficiente de regressão fixo do peso sobre o polinômio de Legendre, com k_β , ordem do polinômio para a curva média, variando de dois a oito ($k_\beta = 2, 3, \dots, 8$) para modelar a curva média de crescimento da população; α_{im} , γ_{im} , δ_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para o $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; ϕ_m é a $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre da idade padronizada ($-1 < \text{idade} < 1$); e ε_{ij} denota o efeito aleatório residual.

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

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + Z_4q + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ m \\ q \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \begin{aligned} \text{Var}(a) &= K_a \otimes A, \\ \text{Var}(c) &= K_c \otimes I_{N_d}, \\ \text{Var}(m) &= K_m \otimes A, \\ \text{Var}(q) &= K_q \otimes I_{N_m}, \\ \text{Var}(e) &= R; \end{aligned}$$

em que y é um vetor de N observações referentes a N_d animais; b é um vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes b_m da regressão fixa; a é um vetor $k_a \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que N_D denota o número de animais na matriz de parentesco (5.357); c é um vetor $k_c \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória ambiente permanente de animal; m é um vetor $k_m \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos; q é um vetor $k_q \times N_m$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno, sendo N_m igual ao número de fêmeas com progênes com observações; ε é um vetor de erros aleatórios; X , Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto,

ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente. K_a , K_c , K_m e K_q são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente; A é a matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; I_{Nd} é uma matriz identidade de dimensão N_d ; I_{Nm} é uma matriz identidade de dimensão N_m ; \otimes o produto de Kronecker; R uma matriz diagonal de variâncias residuais.

A variância residual foi considerada homogênea durante toda curva de crescimento. A covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno foi assumida como sendo igual a zero.

As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente de animal e materno, conforme o modelo ajustado, foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o programa DXMRR do software DFREML (Meyer, 1998).

Avaliaram-se as mudanças ocorridas nos componentes de variância e parâmetros genéticos estimados ao longo da curva de crescimento, como também na ordem de classificação (correlação de Spearman) dos animais, com base nos valores genéticos preditos à desmama e aos 196 dias de idade em função da modelagem da regressão fixa.

Resultados e Discussão

Os efeitos fixos de grupo contemporâneo e idade da ovelha ao parto, efeitos linear e quadrático, considerados no modelo de análise da curva de crescimento foram todos significativos ($P < 0,01$), concordando com Sarmiento et al. (2006b), ao estudarem a curva de crescimento da raça Santa Inês. Ao avaliar a ordem de ajuste da função polinomial da idade, observou-se que a ordem mais alta com efeito significativo ($P < 0,01$) foi a terceira ($k=3$), sugerindo que uma função quadrática seria suficiente para descrever a curva média de crescimento.

Comparando, inicialmente, a ordem das funções ajustadas pelo método dos quadrados mínimos ordinários, observou-se que a maior mudança ocorreu ao passar de um ajuste linear ($k=2$) para quadrático ($k=3$), como indicado pelos

critérios utilizados para avaliar qualidade de ajuste, apresentados na Tabela 2. Pode-se observar que, de acordo com QMR, DMA, R^2 e PQV, pouca melhoria foi obtida com as ordens superiores a terceira (quadrática), concordando com a significância dos coeficientes de regressão na análise de variância. Ligeiro decréscimo no QMR foi verificado com o ajuste da ordem quatro e no QMR e PQV com as ordens sete e oito.

Tabela 2 – Quadrado médio do resíduo (QMR), desvio médio absoluto (DMA), coeficiente de determinação (R^2) e percentagem quadrada de viés (PQV) para o ajuste da trajetória média da população por uma função polinomial com diferentes ordens (k=2, 3, ..., 8)

Ordem de ajuste	QMR	DMA	R^2	PQV
k=2	16,61	3,11	0,73	7,23
k=3	13,75	2,66	0,78	5,98
k=4	13,74	2,66	0,78	5,98
k=5	13,74	2,66	0,78	5,98
k=6	13,74	2,66	0,78	5,98
k=7	13,72	2,66	0,78	5,97
k=8	13,72	2,66	0,78	5,97

Como indicado pelas informações apresentadas na Tabela 2, o ajuste linear foi o pior, sendo as demais ordens de ajustes semelhantes. Como se observa na Figura 2, as funções diferiram, principalmente, da metade para o final da curva de crescimento, com exceção da linear, que diferiu das demais no início, meio e final da curva, além de estar mais distante das médias observadas.

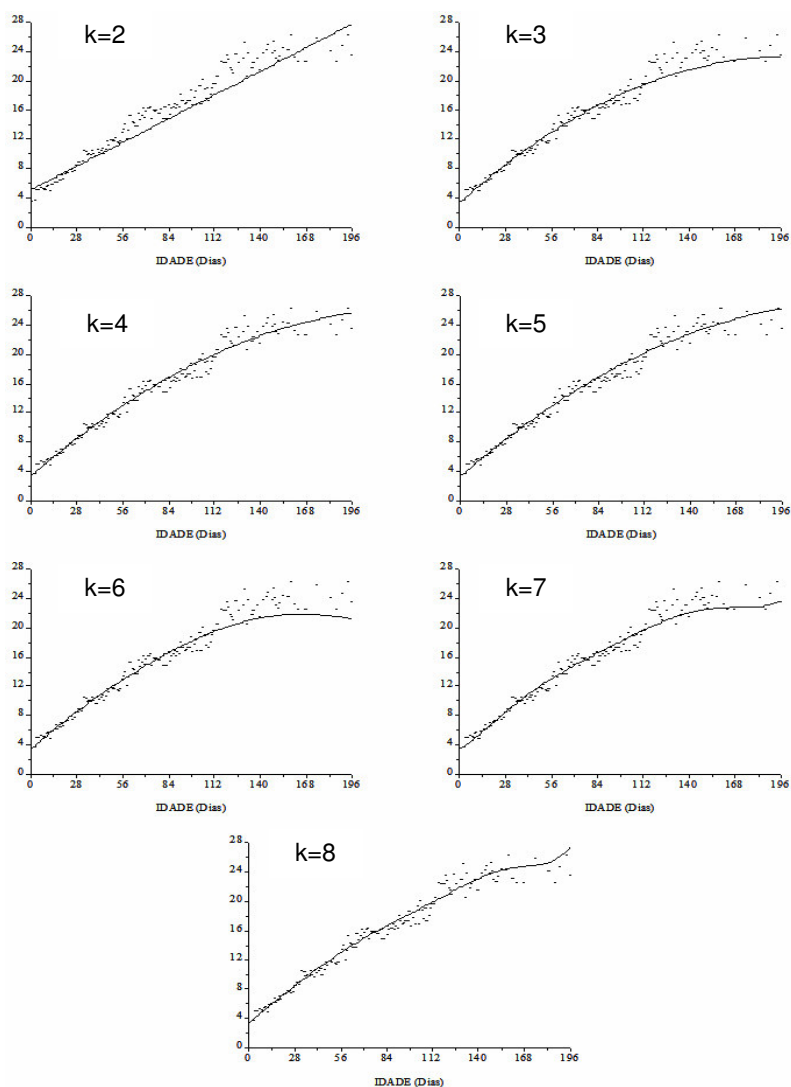


Figura 2 – Dispersão dos pesos médios observados em função da idade (•) e trajetória média populacional estimada (regressão fixa sob polinômios ortogonais da idade) por quadrados mínimos de acordo com a ordem de ajuste ($k=2, \dots, k=8$).

As funções de ordens três, quatro e cinco tenderam a estimar curvas mais próximas entre si, embora a estimada pela quadrática tenha se distanciado da maioria dos pontos da curva observada e da curva estimada pelos polinômios de quarta e quinta ordem, depois dos 100 dias de idade. Já as estimadas pelas ordens quatro e cinco parecem ter apresentado maior flexibilidade, permitindo estimar curvas mais próximas dos pesos ao longo da idade. A diferença entre as ordens quatro e cinco foi pequena, com tendência de aumentar com a proximidade do final da curva. Desta forma, mesmo não sendo indicada pelos

critérios apresentados na Tabela 2, a função cúbica proporcionou ajuste mais representativo da curva média observada.

Observa-se ainda na Figura 2 que funções com ordens superiores a cinco, mesmo não diferindo das demais, com base nos critérios da Tabela 2, tenderam a apresentar comportamento menos coerente, em termos de ajuste quando comparadas às de ordens três, quatro e cinco. A função de ordem seis descreveu uma redução na taxa de crescimento com a aproximação do final da curva, estimando pesos inferiores aos observados nos dados analisados. As de ordem sete e oito apresentaram comportamento irregular, também no final da curva, desacelerando próximo dos 160 dias e voltando a aumentar aos 196 dias de idade, com tendência de aumentar a diferença entre estas duas curvas estimadas no final da trajetória. Comportamento similar foi verificado por Sakaguti et al. (2002) com função de ordem sete para modelar a curva de crescimento de bovinos de corte.

Pelos resultados apresentados na Tabela 2 e na Figura 2, uma função de, pelo menos, terceira ordem (quadrática) deve ser usada. Todavia, a de quarta ordem (cúbica) refletiu melhor a realidade das mudanças que a de ordem três, isto é, a função cúbica ajustou a curva média de crescimento de forma condizente com o desenvolvimento corporal dos ovinos estudados, principalmente, por ter apresentado maior flexibilidade do meio para o final da curva, nos pontos que as funções mais divergiram.

As análises de regressão aleatória a nível fenotípico, incluindo o efeito global de animal como aleatório, foram conduzidas apenas para examinar o comportamento das trajetórias médias de crescimento, estimadas por funções polinomiais de Legendre de diferentes ordens, por meio da metodologia da máxima verossimilhança restrita (Tabela 3), para confrontar com as análises executadas pelo método dos quadrados mínimos ordinários. Observa-se na Tabela 3, que a melhoria de ajuste da regressão fixa foi constatada pelo DMA, R^2 e PQV com a utilização de ordens superiores a dois. O DMA diminuiu consideravelmente com o aumento da ordem de dois até quatro, tendendo a aumentar com ordens superiores, exceto com a oitava que obteve o menor valor de DMA. Comportamento semelhante foi verificado com a PQV e o R^2 .

Apesar dos melhores valores de DMA, R^2 e PQV terem sido obtidos com a função com $k=8$, observou-se na Figura 2, que esta ordem estimou uma

trajetória sinuosa ao final do período estudado, o que não representa a realidade da população. Portanto, de acordo com os critérios apresentados na Tabela 3 e com a discussão dos resultados apresentados na Tabela 2 e na Figura 2, fica evidente que a função polinomial de quarta ordem (cúbica) pode ser utilizada para representar adequadamente a curva média de crescimento da população de ovinos Santa Inês em estudo. Estes resultados contrariam os obtidos por Fischer et al. (2004), porém concordam com os obtidos por Sarmiento et al. (2006a), embora esses autores tenham varaido a ordem da curva fixa, com a mesma variação empregada na parte aleatória do modelo.

Tabela 3 – Quadrado médio do resíduo (QMR), desvio médio absoluto (DMA), coeficiente de determinação (R^2) e percentagem quadrada de viés (PQV) para as funções de diferentes ordens ($k=2, 3, \dots, 8$) empregadas em um modelo de regressão aleatória fenotípico

Ordem de ajuste	QMR	DMA	R^2	PQV
k=2	0,99	2,57	0,77	3,11
k=3	0,98	1,54	0,88	1,66
k=4	0,98	1,50	0,88	1,61
k=5	0,98	1,52	0,87	1,65
k=6	0,98	1,52	0,87	1,66
k=7	0,98	1,65	0,86	1,89
k=8	0,98	1,42	0,89	1,49

Na tentativa de avaliar a influência da ordem de ajuste da regressão fixa na estimativa dos componentes de variância e nos parâmetros genéticos resultantes, os mesmos foram estimados pelos modelos que empregaram as funções de diferentes ordens para a regressão fixa. A maior influência da ordem de ajuste das funções para representar a trajetória média de crescimento foi sobre o efeito genético aditivo direto (Figura 3), sendo que as ordens superiores a cinco praticamente não diferiram.

Observa-se na Figura 3 que as variâncias genéticas aditivas diretas estimadas pelo modelo que empregou o ajuste linear foram superiores as estimadas com funções de ordens maiores ao longo de, praticamente, toda curva de crescimento. As estimadas com a função de ordem três foram ligeiramente maiores que as de ordem dois; já as demais ordens estimaram variâncias mais próximas e praticamente não diferiram quando o ajuste foi

superior a cinco. Para o efeito de ambiente permanente de animal verificou-se pequena diferença entre o ajuste linear e os demais, onde o obtido com o linear foi ligeiramente inferior aos de ordens superiores (resultado não apresentado).

A variância materna (genética e ambiente permanente) não foi influenciada pela ordem empregada no ajuste da curva média de crescimento. Os modelos estimaram as variâncias genéticas aditivas materna e ambiente permanente materno muito próximas, independente da ordem de ajuste da função utilizada na parte fixa do modelo.

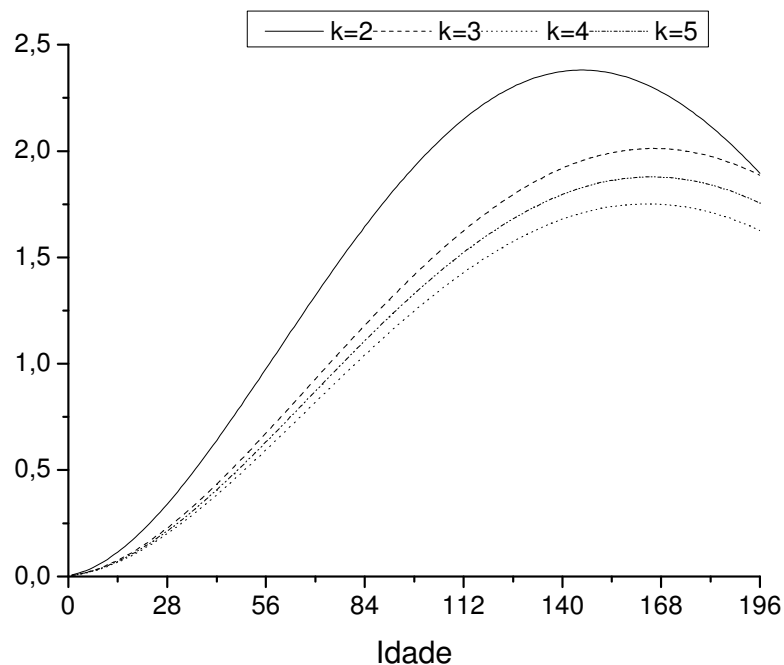


Figura 3 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas obtidas por meio de modelos que empregaram funções de diferentes ordens para representar a trajetória média da população.

Comportamento semelhante ao verificado com as estimativas dos componentes de variância foi obtido com as estimativas de herdabilidades direta e materna e com as proporções da variância fenotípica devido aos efeitos de ambiente permanente de animal e materno. A herdabilidade direta estimada pelo ajuste que empregou função linear foi superior à estimada pelas demais funções, exceto nas extremidades da curva (Figura 4), onde todas as estimativas foram próximas. A função com ordem três estimou herdabilidade

ligeiramente superior às com ordens quatro e cinco, embora as diferenças tenham sido pequenas. As herdabilidades estimadas com ordens superiores a cinco foram de mesma magnitude.

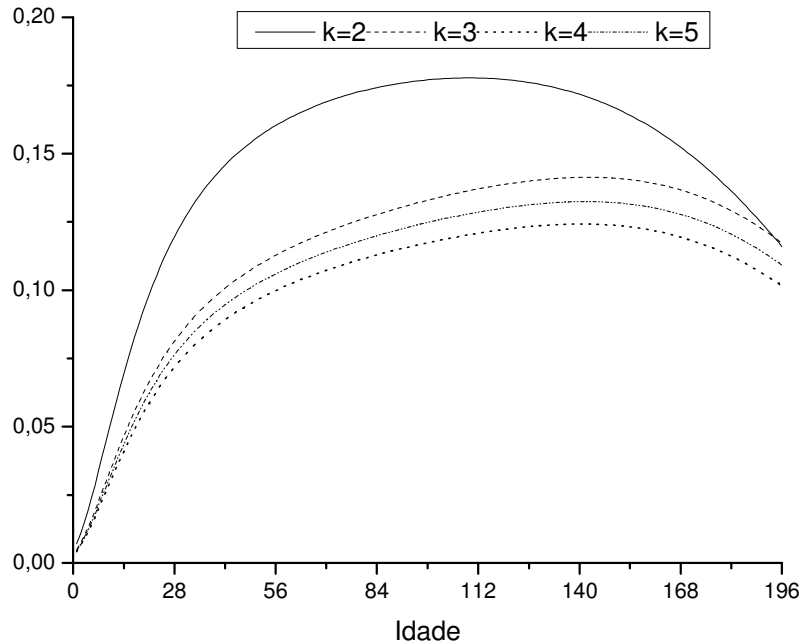


Figura 4 – Estimativas de herdabilidade direta obtidas por modelos que empregaram funções de diferentes ordens para representar a trajetória média de crescimento da população.

As correlações genéticas entre pesos em diferentes idades estimadas pelos modelos que empregaram diferentes ordens para ajustar a regressão fixa praticamente não diferiram, exceto as estimadas com ajuste linear. As correlações estimadas com funções de ordens superiores a dois foram de alta magnitude, próximas à unidade. Já as estimadas com ajuste linear foram ligeiramente menores nas extremidades da curva, chegando a 0,96 (resultados não apresentados).

As correlações de ordem entre os valores genéticos dos animais preditos aos 112 e aos 196 dias de idade por meio de modelos empregando diferentes ajustes da curva média de crescimento estão apresentadas na Tabela 4. Observou-se que em ambas as idades, as menores correlações foram obtidas

entre os valores genéticos preditos pela função linear e os preditos pelas demais funções.

Tabela 4 – Correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos para os pesos à desmama (acima da diagonal) e aos 196 dias de idade (abaixo da diagonal) por meio de modelos que empregaram funções de diferentes ordens para representar a trajetória média da população

Ordem	k=2	k=3	k=4	k=5	k=6	k=7	k=8
k=2	1	0,96	0,95	0,95	0,95	0,95	0,95
k=3	0,96	1	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
k=4	0,96	0,99	1	0,99	0,99	0,99	0,99
k=5	0,96	0,99	0,99	1	0,99	0,99	0,99
k=6	0,96	0,99	0,99	0,99	1	0,99	0,99
k=7	0,96	0,99	0,99	0,99	0,99	1	0,99
k=8	0,96	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1

Como a influência da ordem de ajuste da regressão fixa sobre o ordenamento dos animais com base nos valores genéticos preditos por cada uma das funções foi baixa, avaliou-se, também, a possibilidade de alteração na magnitude do valor genético predito devido à ordem da função empregada. Desta forma, ordenaram-se os animais com base no valor genético predito aos 112 dias de idade, obtido com base no modelo com a curva média de crescimento ajustada pela função cúbica, e compararam-se os valores genéticos dos oito melhores animais obtidos quando se utilizou cada uma das funções (Tabela 5).

Observa-se na Tabela 5 que houve, como esperado, uma grande variação na magnitude dos valores genéticos preditos para os pesos nas duas idades, embora essa maior variação tenha ocorrido quando a função ajustada foi linear ou quadrática, quando comparado às demais funções. Ao se observar o desvio, expresso em porcentagem, em relação ao valor genético predito quando o ajuste foi cúbico (Tabela 5), constata-se que quando o ajuste foi linear houve aumento do valor genético predito em mais de 77% para o peso à desmama e mais de 54% para peso aos 196 dias de idade. Desvios menores, porém consideráveis, foram verificados quando o ajuste foi quadrático, mais de 11% para peso aos 112 dias e em torno de 13% para peso aos 196 dias de

idade. Com ordens superiores a quatro (função cúbica), os desvios foram de menor magnitude, próximos a 5%.

Tabela 5 – Valor genético e o desvio em percentagem (entre parênteses), em relação ao predito com a função cúbica, para peso aos 112 e 196 dias de idade para cada uma das funções ajustadas

Animal	k=2	k=3	k=4	k=5	k=6	k=7	k=8
112 dias de idade							
2096	3,04 (77,8)	1,89 (10,5)	1,71 (0)	1,80 (5,3)	1,74 (1,8)	1,80 (5,3)	1,80 (5,3)
5407	2,42 (43,2)	1,89 (11,8)	1,69 (0)	1,79 (5,9)	1,76 (4,1)	1,77 (4,7)	1,76 (4,1)
3608	2,35 (44,2)	1,82 (11,7)	1,63 (0)	1,72 (5,5)	1,70 (4,3)	1,73 (6,1)	1,72 (5,5)
5350	2,12 (30,9)	1,81 (11,7)	1,62 (0)	1,71 (5,6)	1,69 (4,3)	1,70 (4,9)	1,69 (4,3)
18	2,86 (77,6)	1,75 (8,7)	1,61 (0)	1,67 (3,7)	1,60 (-0,6)	1,70 (5,6)	1,70 (5,6)
5197	1,99 (23,6)	1,77 (9,0)	1,61 (0)	1,69 (5,0)	1,66 (3,1)	1,67 (3,7)	1,66 (3,1)
2061	2,55 (63,5)	1,73 (10,9)	1,56 (0)	1,63 (4,5)	1,58 (1,3)	1,61 (3,2)	1,60 (2,6)
3622	2,04 (32,5)	1,69 (9,7)	1,54 (0)	1,61 (4,5)	1,59 (3,2)	1,62 (5,2)	1,61 (4,5)
196 dias de idade							
2096	2,79 (52,5)	2,04 (11,5)	1,83 (0)	1,93 (5,5)	1,86 (1,6)	1,92 (4,9)	1,92 (4,9)
5407	2,22 (23,3)	2,04 (13,3)	1,80 (0)	1,92 (6,7)	1,89 (5,0)	1,89 (5,0)	1,88 (4,4)
3608	2,15 (23,6)	1,96 (12,6)	1,74 (0)	1,85 (6,3)	1,82 (4,6)	1,84 (5,7)	1,83 (5,2)
5350	2,00 (15,6)	1,95 (12,7)	1,73 (0)	1,84 (6,4)	1,81 (4,6)	1,81 (4,6)	1,80 (4,0)
18	2,65 (54,1)	1,89 (9,9)	1,72 (0)	1,79 (4,1)	1,72 (0)	1,81 (5,2)	1,81 (5,2)
5197	1,90 (10,5)	1,91 (11,0)	1,72 (0)	1,81 (5,2)	1,79 (4,1)	1,78 (3,5)	1,78 (3,5)
2061	2,41 (45,2)	1,87 (12,7)	1,66 (0)	1,75 (5,4)	1,69 (1,8)	1,72 (3,6)	1,71 (3,0)
3622	1,86 (13,4)	1,82 (11,0)	1,64 (0)	1,73 (5,5)	1,71 (4,3)	1,73 (5,5)	1,72 (4,9)

Desta forma, verificou-se que a modelagem da curva fixa alterou com maior intensidade a magnitude dos valores genéticos. Apesar de alterar o valor genético em maior proporção, a mudança na classificação não ocorreu com a mesma intensidade. Isso pode ter ocorrido pelo fato de determinado ajuste proporcionar alterações nos valores genéticos em intensidades semelhantes para todos os animais, proporcionando pouca mudança na classificação, embora a magnitude dos valores tendo sido alterada.

A importância prática deste resultado é que mesmo um animal tendo alta probabilidade de ser indicado como o melhor com base no valor genético predito por meio de um modelo empregando uma função quadrática ou cúbica, as diferenças esperadas na progênie (DEP) de um mesmo animal seriam maiores, o que resultaria em estimativas de ganhos genéticos anuais errôneos, caso a função mais apropriada não seja utilizada.

Conclusões

A utilização de uma função polinomial de quarta ordem (cúbica) mostrou-se mais eficiente para descrever a curva média de crescimento da população de ovinos Santa Inês em estudo.

A variância genética aditiva direta e a herdabilidade estimadas foram influenciadas pela ordem de ajuste da função empregada para descrever a trajetória média de crescimento.

Em relação à avaliação genética dos animais, a ordem de ajuste da função utilizada para representar a curva média de crescimento influenciou com maior intensidade a magnitude dos valores genéticos preditos do que a classificação dos animais.

Literatura Citada

- ALI, T. E.; SCHARFFER, R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, v.67, p.637-644, 1987.
- 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.
- FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J.H.J.; BANKS, R.G. et al. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v.89, p.175-185, 2004.
- KIRKPATRICK, M., LOFSVOLD, D., BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993, 1990.
- LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.
- MEYER, K. DXMRR – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: 6th. WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale, Australia, **Proceedings...**Armidale: University of New England, 1998. CD-ROM.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, n.3, p.181-203, 1999.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, v.122, p.73-85, 2005.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; MARTINS, E.N. et al. Trajetória de crescimento e efeito da idade da vaca nos modelos de regressão aleatória de bovinos da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.4, p.414-423, 2002.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.1, p.68-77, 2006a.
- SARMENTO, J.L.R.; REGAZZI, A.J.; SOUSA, W.H. et al. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.435-442, 2006b.

Capítulo 3

Comparação de homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória na descrição do crescimento de ovinos Santa Inês

Resumo: Utilizaram-se 17.767 registros de pesos de 4.210 cordeiros da raça Santa Inês com o objetivo de comparar modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas para modelar a variância residual em estudos genéticos da curva de crescimento. As regressões fixas e aleatórias foram ajustadas por meio de polinômios de Legendre de ordens quatro e três, respectivamente. A variância residual foi ajustada por meio de classes heterogêneas e por funções de variâncias, empregando polinômios ordinários e de Legendre, de ordens variando de dois a oito. O modelo considerando homogeneidade de variâncias residuais mostrou-se inadequado. De acordo com os critérios utilizados, a variância residual contendo sete classes heterogêneas proporcionou melhor ajuste, embora um mais parcimonioso, com cinco classes, poderia ser utilizado sem perdas na qualidade de ajuste da variância nos dados. O ajuste de funções de variâncias com qualquer ordem foi melhor que o obtido por meio de classes, sendo que o polinômio ordinário de ordem seis proporcionou melhor ajuste dentre as estruturas testadas. A modelagem do resíduo interferiu nas estimativas das variâncias fenotípica, genética aditiva direta e ambiente permanente de animal, como também nas estimativas dos respectivos parâmetros genéticos. Além da alteração da classificação dos reprodutores, constataram-se, também, alterações significativas na magnitude dos valores genéticos preditos em função do ajuste da variância residual empregado. A utilização de heterogeneidade de variâncias residuais para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento dos ovinos Santa Inês em estudo, faz-se necessária.

Palavras-chave: Herdabilidade, heterogeneidade de variâncias, modelo animal, ovinos deslanadas, parâmetros genéticos, valor genético

Introdução

Os modelos de regressão aleatória têm sido os mais indicados para análise de dados longitudinais no melhoramento animal e têm sido utilizados para modelar várias características longitudinais em animais domésticos. Esses modelos permitem ajustar curvas de crescimento aleatórias para cada indivíduo e obter estruturas de variâncias e covariâncias entre as diferentes medidas por meio de funções de covariâncias, normalmente, ajustadas por meio de polinômios ortogonais de Legendre, para os efeitos aleatórios de interesse. Além disso, o emprego destes modelos permite a modelagem da variância residual sob diferentes estruturas.

Vários trabalhos têm mostrado a necessidade de considerar heterogeneidade de variâncias residuais em modelos de regressão aleatória (Lewis & Brotherstone, 2002, em ovinos de corte; El Faro & Albuquerque, 2003, em bovinos de leite; e Meyer, 2000, em bovinos de corte). Para características de crescimento estas variâncias em bovinos e ovinos de corte tendem a aumentar com a idade, como verificado por Meyer (2001) e Fischer et al. (2004). Desta forma, a modelagem da curva de crescimento considerando a variância residual heterogênea em função da idade pode melhorar a partição da variância fenotípica nas variâncias devido aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. Por outro lado, o emprego de variâncias residuais heterogêneas implica no aumento do número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança, o que pode dificultar a utilização dos modelos de regressão aleatória em avaliações genéticas em grandes volumes de dados. Neste sentido, busca-se a utilização de modelos mais parcimoniosos, sem perda da qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios considerados. Desta forma, em diversos estudos têm-se proposto a modelagem das variâncias residuais utilizando-se classes heterogêneas, ou por meio de funções de variância residuais, empregando polinômios ortogonais de Legendre ou ordinários (Meyer, 1999 e 2001; Albuquerque & Meyer, 2001).

Os poucos trabalhos com ovinos de corte encontrados na literatura consultada diferiram quanto à modelagem da variância residual. Lewis & Brotherstone (2002) compararam duas estruturas para ajustar a variância residual, homogênea e heterogênea com seis classes, e verificaram que o ajuste heterogêneo proporcionou melhor resultado. Fischer et al. (2004)

estudaram a curva de crescimento de ovinos empregando nove classes para modelar a variância residual. Sarmento et al. (2005) verificaram que houve melhor ajuste das variâncias nos dados quando um modelo contendo três classes de variâncias heterogêneas foi ajustado. Já Sarmento et al. (2006a) assumiram homogeneidade de variância residual.

Desta forma, objetivou-se com este trabalho comparar diferentes estruturas para modelar a variância residual em modelos de regressão aleatória. Avaliou-se, também, a influência da homogeneidade e heterogeneidade da variância residual nos parâmetros genéticos estimados e valores genéticos preditos para a curva de crescimento de ovinos Santa Inês.

Material e Métodos

Descrição dos dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de três rebanhos experimentais de ovinos da raça Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e Empresa de Pesquisa Agropecuária Brasileira (EMBRAPA Caprinos e EMBRAPA Tabuleiros Costeiros), como descritos no primeiro capítulo.

Modelos e análises

As regressões fixa e aleatória foram representadas por funções contínuas, cujas idades foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre. Generalizando, os modelos com diferentes estruturas de variâncias residuais podem ser representados como segue:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=1}^4 \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^3 \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \rho_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \gamma_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^3 \delta_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ij} é o peso no $j^{\text{ésimo}}$ dia do $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; F refere-se a um conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (1.112 subclasses) e pela covariável idade da ovelha ao parto, efeitos linear e quadrático; β_m é o $m^{\text{ésimo}}$ coeficientes de regressão fixo do peso sobre o polinômio de Legendre (função cúbica, como constatado por Sarmento, 2007, no segundo capítulo) para modelar a curva média de crescimento da população; α_{im} , γ_{im} , δ_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão genético aditivo direto, genético aditivo

materno, ambiente permanente materno e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para o $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; ϕ_m é a $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre da idade padronizada ($-1 < \text{idade} < 1$); e ε_{ij} denota o efeito aleatório residual.

Avaliou-se a modelagem da variância residual considerando-a homogênea e heterogênea por meio de diferentes estruturas. Inicialmente, considerou-se heterogeneidade entre classes de idade (CL_m, sendo m o número de classes), agrupadas como segue: CL1, homogênea; CL2, 1-112 e 113-196 dias; CL3, 1-56, 57-112 e 113-196 dias; CL4, 1-28, 29-56, 57-112 e 113-196 dias; CL5, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112 e 113-196 dias; CL6, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112, 113-140 e 141-196 dias; e CL7, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112, 113-140, 141-168 e 169-196 dias de idade.

Posteriormente, as variâncias residuais foram estimadas por meio de coeficientes de regressão de funções de variâncias, ajustadas por polinômios ordinários (FO) e de Legendre (FL), com ordens variando de dois a seis, ou seja, linear a quántupla (FO_m ou FL_m, sendo m a ordem de ajuste), que podem ser representadas por: $\sigma_j^2 = \sigma_0^2 \left(1 + \sum_{r=1}^m \beta_r (a_{ij}^*)^r \right)$, em que σ_j^2 é a variância residual na $j^{\text{ésima}}$ idade, σ_0^2 corresponde à variância do intercepto, β_r representa os $m^{\text{ésimos}}$ coeficientes de regressão da função de variância e a_{ij}^* denota as idades de medições. No total, dezessete diferentes modelos empregando classes e funções de variâncias foram avaliados.

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

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + Z_4q + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ m \\ q \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \begin{aligned} \text{Var}(a) &= K_a \otimes A, \\ \text{Var}(c) &= K_c \otimes I_{Nd}, \\ \text{Var}(m) &= K_m \otimes A, \\ \text{Var}(q) &= K_q \otimes I_{Nm}, \\ \text{Var}(e) &= R; \end{aligned}$$

em que y é um vetor de N observações referentes a N_d animais; b é um vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes b_m da regressão fixa; a é um vetor $k_a \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que N_D denota o número total de animais na matriz de parentesco (5.357); c é um vetor $k_c \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória ambiente permanente de animal; m é um vetor $k_m \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos; q é um vetor $k_q \times N_m$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno, sendo N_m igual ao número de mães com progênes que têm observações; e é um vetor de erros aleatórios; X , Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto, ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente. K_a , K_c , K_m e K_q são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente; A é a matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; I_{N_d} é uma matriz identidade de dimensão N_d ; I_{N_m} é uma matriz identidade de dimensão N_m ; \otimes o produto de Kronecker; R uma matriz diagonal de variâncias residuais com elementos que dependem da estrutura empregada, ou seja, $R = \text{diagonal}[\sigma_j^2]$. A covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno foi assumida como sendo igual a zero.

As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente de animal e materno, conforme o modelo ajustado, foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o programa DXMRR do software DFREML (Meyer, 1998).

Os diferentes modelos foram comparados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), sendo o primeiro utilizado apenas para modelos aninhados.

Avaliaram-se as mudanças ocorridas nos componentes de variância e parâmetros genéticos estimados ao longo da curva de crescimento em função

do ajuste da variância residual, como também na classificação (correlação de Spearman) dos animais, com base nos valores genéticos preditos ao nascimento, à desmama e aos 196 dias de idade.

Resultados e Discussão

Comparando, inicialmente, a modelagem do resíduo por meio de classes, observaram-se aumentos no Log L, significativos ($P < 0,01$) pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), com o aumento do número de classes heterogêneas (Tabela 2). De acordo com todos os critérios utilizados para avaliar a qualidade de ajuste, o modelo considerando homogeneidade de variâncias residuais mostrou-se inadequado. Pelo LRT, quando se comparou o modelo homogêneo com o modelo CL2, a diferença entre ambos foi altamente significativa ($P < 0,01$), indicando que este último proporcionou uma melhor modelagem da variância residual.

Tabela 2 – Número de parâmetros (NP), Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log L), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC) e teste da razão de verossimilhança (LRT) estimados com os modelos que empregaram diferentes estruturas de variância residual

Modelo	NP	Log L ¹	AIC ²	BIC ²	LRT
CL1	25	-964	3168	3129	(CL2-CL1) 812,2*
CL2	26	-558	2358	2326	(CL3- CL2) 867,2*
CL3	27	-124	1492	1469	(CL4- CL3) 155,8*
CL4	28	-46	1339	1323	(CL5- CL4) 88,0*
CL5	29	-2,2	1253	1245	(CL6- CL5) 0,3 ^{ns}
CL6	30	-1,9	1254	1254	(CL7- CL5) 4,4 ^{ns}
CL7	31	0	1252	1260	-
FL2	26	-157	316	284	(FL3-FL2) 84*
FL3	27	-115	235	211	(FL4-FL3) 8*
FL4	28	-111	227	212	(FL5-FL4) 220*
FL5	29	0	9	1	-
FO2	26	-162	316	284	(FO3-FO2) 84*
FO3	27	-120	234	211	(FO4-FO3) 62*
FO4	28	-89	173	158	(FO5-FO4) 124*
FO5	29	-27	51	43	(FO6-FO5) 54*
FO6	30	0	0	0	-

* significativo a 1% de probabilidade; ns não significativo. ¹ Valores expressos como desvio do melhor valor, dentro de cada estrutura; ²Valores expressos como desvio do melhor valor. CL = classes de idade; FL = polinômio de Legendre; FO = polinômio ordinário.

Mudanças consideráveis nos valores do Log L, AIC e BIC, como também significativas ($P < 0,01$) pelo LRT, ocorreram até o modelo CL5 (Tabela 2). Ao observar o Log L e o AIC para os modelos CL5 até CL7, verificaram-se pequenas alterações nos seus valores ($P > 0,01$ pelo LRT), sugerindo pouca melhoria de ajuste, embora o melhor valor de AIC tenha sido obtido com o modelo CL7, porém a diferença em relação a CL5 foi pequena. O menor valor para BIC foi obtido com o modelo CL5, sugerindo que as cinco classes foram suficientes para modelar a variância residual. O resultado apresentado pelo BIC é consistente, já que as maiores diferenças ocorreram entre modelos com menos de cinco classes de variâncias residuais.

Vale ressaltar que outros modelos com maior número de classes foram comparados (resultados não apresentados). Entretanto, as diferenças nas estimativas de variância em relação às classes apresentadas na Tabela 2, foram muito pequenas, indicando que a utilização de modelos com mais de cinco classes residuais não resultaria em grandes alterações na modelagem do resíduo.

Lewis & Brotherstone (2002) verificaram que a variância residual com seis classes heterogêneas (sendo as classes formadas com intervalos de 25 dias) proporcionou melhor ajuste, quando comparado ao modelo com variância residual constante. Já Fischer et al. (2004) modelaram a variância residual com nove classes heterogêneas, sendo as classes definidas a cada cinquenta dias de idade.

Nos modelos em que se empregaram funções de variâncias residuais utilizando polinômios ortogonais de Legendre de diferentes ordens, observaram-se melhores valores para o Log L ($P < 0,01$), AIC e BIC com o aumento da ordem da função. Entre as ordens avaliadas, a quinta (FL5) apresentou menor valor para todos os critérios, indicando melhor ajuste. Todavia, os mesmos apresentaram dificuldade de convergência, onde a função com ordem seis não convergiu, mesmo quando se tentou reiniciar as análises com diversos valores iniciais para os parâmetros. Relatos de dificuldade de convergência com funções de variâncias empregando polinômios de Legendre foram mencionados por Lewis & Brotherstone (2002), os quais comentaram que a convergência não foi alcançada quando esta modelagem foi empregada para o resíduo, corroborando os achados de El Faro & Albuquerque (2003).

Os modelos com funções de variância ajustadas por meio de polinômios ordinários apresentaram convergências mais rápidas no processo iterativo. Comparando as diferentes ordens, observaram-se aumentos nos valores do Log L ($P < 0,01$) e diminuição nos valores de AIC e BIC com o aumento da ordem de ajuste, sugerindo que o modelo de maior ordem proporcionou melhor ajuste.

Com base nos dados apresentados na Tabela 2 e como se pode observar na Figura 2, assumir homogeneidade de variância residual ao longo da curva crescimento pode criar distorções consideráveis na partição da variância total, uma vez que as diferenças nas variâncias residuais estimadas antes e depois dos 56 dias de idade, quando comparado com as estimativas considerando heterogeneidade, foram grandes.

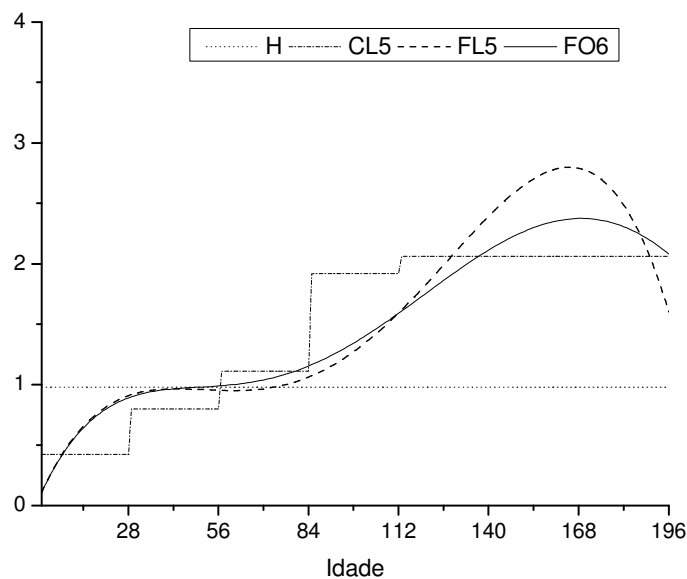


Figura 2 - Estimativas de variâncias residuais homogêneas (H) e heterogêneas, por meio de classes (CL5) e funções de variâncias (FL5 e FO6).

Dentre os modelos que assumiram heterogeneidade, o ajuste obtido com FO6, como indicado pelos valores dos critérios AIC e BIC, foi melhor que o ajuste com cinco classes de variâncias residuais. A função FL5 estimou variâncias residuais próximas às estimadas por FO6 até a desmama; após esse ponto as variâncias aumentaram até os 168 dias e diminuíram até os 196 dias, estimando a menor variância dentre as estruturas comparadas nesta fase.

Todavia, os valores do BIC para FL5 e FO6 (Tabela 2), sugerem que as mesmas praticamente não diferiram, apesar do maior número de parâmetros de FO6.

As variâncias fenotípicas estimadas ao longo da curva de crescimento quando se considerou a variância residual homogênea e heterogênea diferiram no início e depois dos 84 dias até o final da curva. Como se observa na Figura 3, quando o resíduo foi assumido como homogêneo, a variância fenotípica foi ligeiramente maior no início e menor do meio para o final da curva que as estimadas com as duas funções. A duas funções com estruturas heterogêneas estimaram variâncias fenotípicas próximas depois dos 84 dias de idade, com tendência da FL5 estimar variâncias ligeiramente maiores no final da curva. Além disso, as duas funções com heterogeneidade estimaram variâncias fenotípicas ligeiramente superiores às estimadas em análises univariadas, principalmente depois dos 84 dias de idade, embora de comportamentos semelhantes.

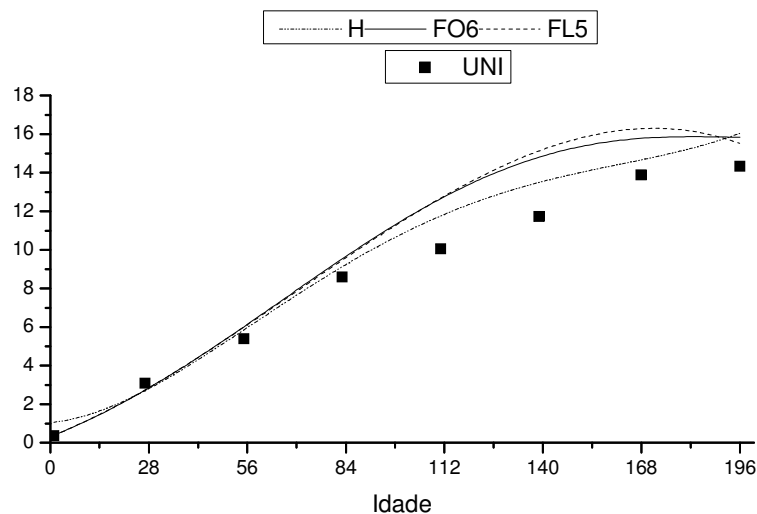


Figura 3 - Estimativas de variâncias fenotípicas em função da modelagem da variância residual, homogênea (H) e heterogêneas (FL5 e FO6), e estimadas em análises univariadas (UNI).

As variâncias devido aos efeitos de animal, ou seja, genética aditiva direta e ambiente permanente de animal, foram mais influenciadas pelo ajuste da variância residual que as devido ao efeito materno (genética materna e ambiente permanente da mãe). Observa-se na Figura 4 que a variância

genética aditiva direta estimada com homogeneidade de variância residual foi inferior, durante todo período de estudo, à estimada pelos modelos considerando heterogeneidade (FL5 e FO6). Observou-se, ainda, que a diferença entre as duas modelagens aumentou com a idade. Já com relação à variância devido ao ambiente permanente, o modelo considerando homogeneidade proporcionou estimativas superiores, a partir dos 56 dias de idade, às obtidas considerando heterogeneidade de variância residual. Da mesma forma como observado para o efeito genético aditivo direto, a diferença nas estimativas da variância de ambiente permanente de animal aumentou com a idade. Observa-se também na Figura 4 que os modelos FL5 e FO6, não diferiram com relação às estimativas das variâncias de animal.

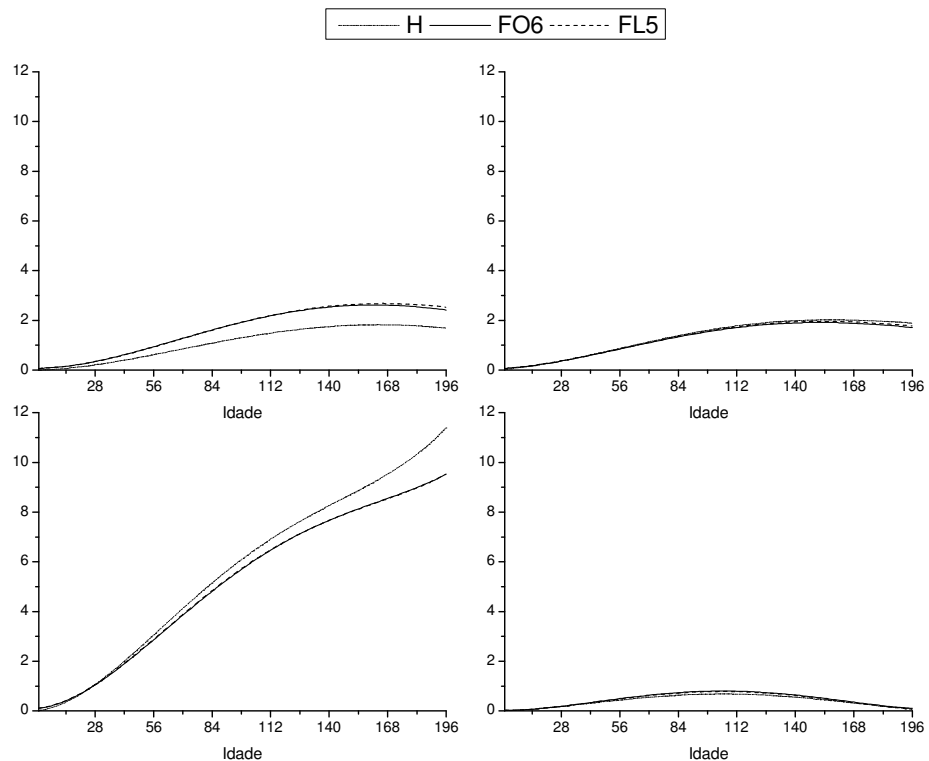


Figura 4 - Estimativas de componentes de variância genética direta (acima e à esquerda), genética materna (acima e à direita), ambiente permanente de animal (abaixo e à esquerda) e ambiente permanente materno (abaixo e à direita) em função da modelagem da variância residual, homogênea (H) e heterogênea (FL5 e FO6).

As estimativas de herdabilidades diretas ao longo da curva de crescimento diferiram em função do ajuste da variância residual (Figura 5). As herdabilidades estimadas quando a variância residual foi assumida como heterogênea, não havendo diferença entre os modelos com FL5 e FO6, foram todas superiores às estimadas com o resíduo constante e com comportamentos diferentes no início da trajetória. Com o resíduo constante, as herdabilidades estimadas foram crescentes do nascimento (herdabilidade próxima de zero) aos 140 dias (com valor igual a 0,13), apresentando ligeiro decréscimo em seguida, chegando a 0,1 aos 196 dias de idade. Já ajustando as mudanças da variância residual com o tempo, a herdabilidade decresceu do nascimento (0,19) até próximo aos 15 dias (0,1), aumentou deste ponto até por volta dos 120 dias (0,17), onde atingiu o valor máximo, e decresceu em seguida, chegando a uma herdabilidade igual a 0,15 aos 196 dias de idade. Herdabilidades próximas às estimadas considerando heterogeneidade para pesos ao nascimento têm sido reportadas em ovinos de corte empregando tradicionais modelos de análise (Snyman et al., 1995; e Sarmiento et al., 2006b).

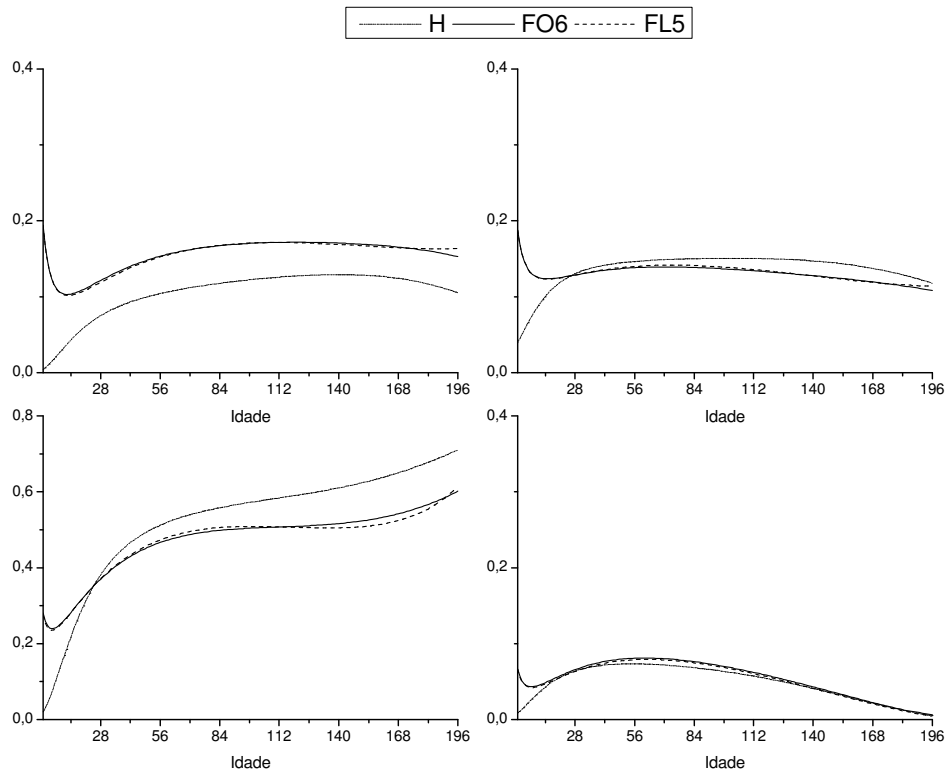


Figura 5 - Estimativas de herdabilidade direta (acima e à esquerda) e materna (acima e à direita), e componentes de variância para ambiente permanente de animal (abaixo e à esquerda) e materno (abaixo e à direita), como proporção da variância fenotípica, em função da modelagem da variância residual, como homogênea (H) e heterogênea (FL5 e FO6).

As herdabilidades maternas estimadas em função da modelagem da variância residual (homogênea e heterogênea) diferiram, principalmente, do nascimento aos 15 dias de idade. Observa-se na Figura 5 que as estimativas de herdabilidade materna obtidas com os modelos considerando homogeneidade e heterogeneidade de variância residual divergiram nos primeiros quinze dias, com tendência das estimadas com resíduo constante serem maiores após esta idade. Da mesma forma que as variâncias maternas, os modelos que consideraram heterogeneidade não diferiram.

As herdabilidades direta e materna estimadas pelo modelo com homogeneidade saíram de praticamente zero, próximo ao nascimento, para 0,18 com o modelo assumindo heterogeneidade. Estimativa de herdabilidades maternas diferentes de zero ao nascimento é biologicamente coerente, pois a

mãe exerce influência sobre a cria desde o período de gestação, ou seja, a contribuição do efeito materno não começa a partir do nascimento do animal, como sugerido pelas estimativas obtidas com modelo em que o resíduo permaneceu constante.

Além disso, observa-se na Figura 5 que as estimativas de herdabilidade materna obtidas com o modelo que considerou resíduo constante foram sempre maiores que as estimativas de herdabilidade direta, o que não era esperado. Quando a variância residual foi considerada heterogênea (ao se ajustar os modelos FL5 e FO6), as estimativas de herdabilidade materna, do terceiro aos 28 dias de idade, foram superiores à direta, sugerindo que neste período a mãe exerceu maior influência sobre a prole. A partir dos 28 dias, a herdabilidade materna cresceu até os 84 dias, a partir de onde as estimativas de herdabilidade direta passaram a ser maiores até o final da curva. Esse comportamento entre as trajetórias das herdabilidades direta e materna é biologicamente correto, pois à medida que o cordeiro aumenta de idade torna-se mais dependente do próprio potencial genético para crescer, conforme descrito por Snyman et al. (1995), Sousa et al. (1999) e Sarmiento et al. (2006b).

Após os 84 dias de idade, as estimativas de herdabilidade materna decresceram, como esperado. Todavia, a expectativa era de que a contribuição do efeito materno após os 112 dias de idade fosse menor. Vale ressaltar que esse resultado pode ter sido obtido devido à falta de um modelo com as ordens apropriadas para as funções contínuas que descreveram as variâncias associadas a cada efeito aleatório, o que pode acarretar problemas na partição da variância total. Além disso, com a proximidade do final da curva, o número de observações tende a diminuir o que, também, pode ocasionar problemas de partição nas variâncias.

O ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica estimado com homogeneidade e heterogeneidade de variância residual diferiu, praticamente, durante todo período estudado (Figura 5). Verificou-se que até os 28 dias de idade o efeito do ambiente permanente de animal estimado pelo modelo com homogeneidade foi inferior, ao passo que após os 28 dias esse efeito passou a ser superior ao estimado pelo modelo considerando a variância residual heterogênea. Assumindo que a partição da

variância total foi feita corretamente com heterogeneidade (FL5 ou FO6), estes resultados sugerem que houve subestimação e superestimação, antes e depois dos 28 dias de idade, para este efeito.

Para o efeito de ambiente permanente da mãe, como proporção da variância fenotípica, houve uma pequena diferença nas estimativas obtidas com as duas modelagens da variância residual, onde as estimadas no início da curva pelo modelo com heterogeneidade foram ligeiramente maiores (Figura 5).

As estimativas de correlações genéticas diretas entre pesagens em idades do nascimento aos 196 dias (Figura 6) também foram afetadas pela mudança na modelagem das variâncias residuais. As maiores alterações foram verificadas entre as correlações de pesos no início da curva com os demais pesos, sendo que as estimadas quando se manteve a variância residual constante foram todas próximas à unidade. As correlações estimadas por meio dos modelos FL5 e FO6 não diferiram, sendo maiores entre idades adjacentes.

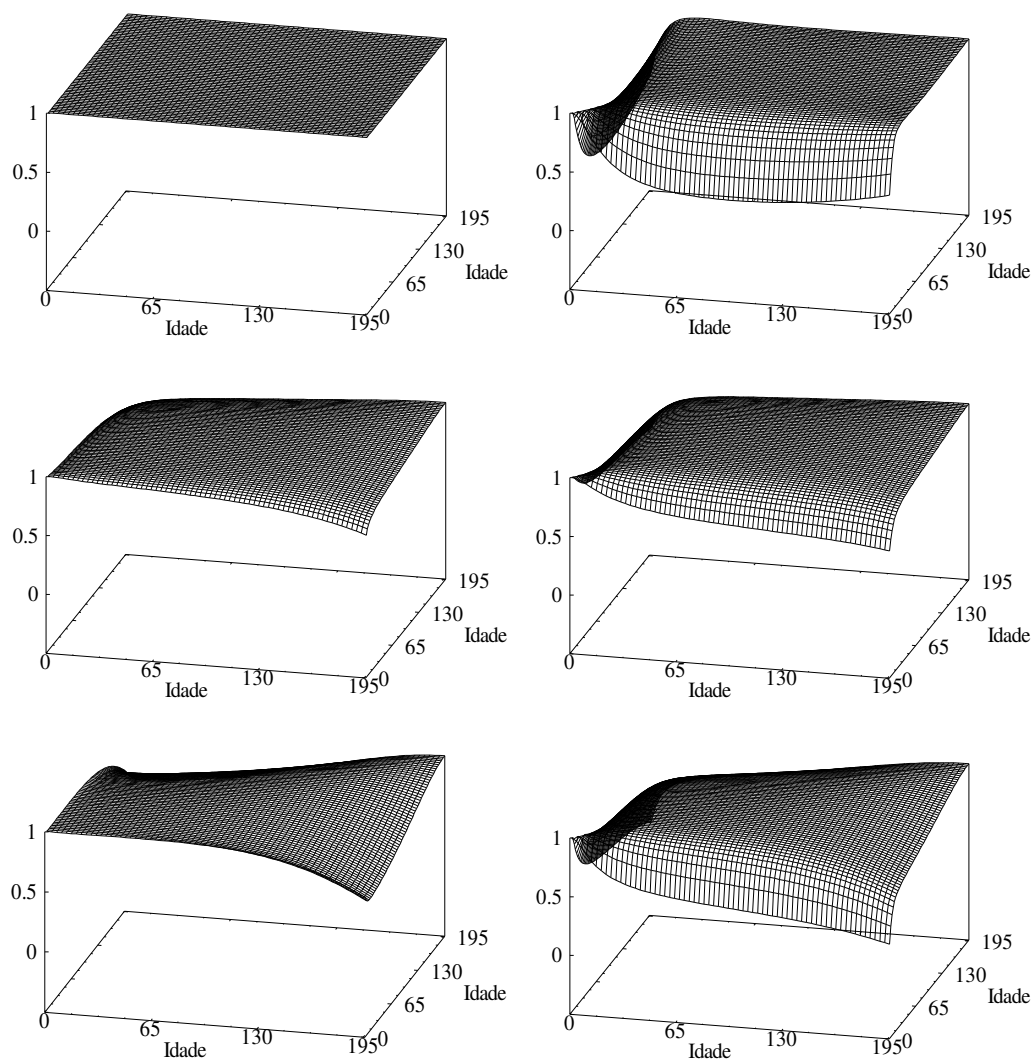


Figura 6 – Estimativas de correlações genética direta (acima), genética materna (no meio) e de ambiente permanente de animal (abaixo) estimadas assumindo homogeneidade (à esquerda) e heterogeneidade de variância residual (à direita), obtidas com o modelo FL5.

As correlações genéticas maternas estimadas também foram alteradas com a modelagem da variância residual. Verificou-se tendência de suavização, ou seja, as correlações diminuíram gradativamente com o aumento de tempo entre as idades (Figura 6), quando o resíduo mudou em função do tempo. As estimativas obtidas com os modelos FL5 ou FO6 também não diferiram.

O mesmo comportamento verificado com as estimativas de correlações genéticas maternas foi obtido com as estimativas de correlações de ambiente permanente de animal, porém de magnitudes diferentes (Figura 6). As correlações estimadas aumentaram à medida que as idades entre as pesagens se aproximavam.

A modelagem da variância residual também afetou os valores genéticos preditos, o que era esperado devido às alterações nas variâncias e herdabilidades estimadas. As correlações de ordem entre os valores genéticos preditos sob homogeneidade e heterogeneidade do resíduo para peso ao nascimento foi de apenas 0,23 e 0,24, respectivamente, com os modelos FO6 e FL5; já para o peso aos 112 e aos 196 dias de idade, estas correlações foram altas, 0,97 e 0,93, com FO6 e FL5, na mesma ordem. As correlações de ordem entre os valores genéticos preditos para peso ao nascimento, 112 e 196 dias de idade, entre os modelos FO6 e FL5, foram todas próximas da unidade. Ao analisar os valores das correlações, constata-se que as alterações nas classificações foram maiores para os pesos do início (em maior proporção) e final da curva, uma vez que nessas extremidades a variância residual foi mais afetada pela modelagem empregada.

Alterações significativas na magnitude dos valores genéticos preditos também foram verificadas em função da modelagem do resíduo. Observa-se na Tabela 4 que os valores genéticos preditos assumindo homogeneidade foram todos subestimados em relação aos preditos quando a variância residual foi ajustada com polinômio ordinário de ordem seis (FO6). Já em relação aos valores genéticos preditos com os modelos que assumiram variância residual heterogênea, FL5 em relação a FO6, as diferenças foram muito pequenas. Verificou-se, ainda, que as maiores diferenças entre o ajuste homogêneo e heterogêneo foram obtidas com o peso ao nascimento, com diferenças maiores que 94%, possivelmente pelo fato da modelagem da variância residual ter afetado as estimativas da variância genética aditiva em maior proporção nesta fase de crescimento. Os valores genéticos preditos para os pesos aos 112 e 196 dias apresentaram diferenças menores, todavia as mesmas variaram de 27 a 31% e de 26 a 41%, respectivamente, para os referidos pesos.

Tabela 4 – Valores genéticos preditos para os cinco melhores animais para pesos ao nascimento, aos 112 e 196 dias de idade considerando homogeneidade e heterogeneidade de variância residual

Idade	Animal	Valor genético predito (kg)		
		Homogeneidade ¹	(FO6)	FL5 ²
Nascimento	5222	0,068 (-87,1)	0,526	0,527 (0,19)
	59	0,055 (-89,0)	0,500	0,500 (0)
	27	0,063 (-87,2)	0,492	0,489 (-0,61)
	5383	0,028 (-94,2)	0,485	0,491 (1,23)
	2123	0,031 (-93,4)	0,470	0,474 (0,85)
112 dias	2096	1,773 (-31,6)	2,591	2,580 (-0,42)
	5407	1,754 (-29,5)	2,487	2,454 (-1,32)
	18	1,654 (-31,2)	2,405	2,394 (-0,45)
	3608	1,700 (-28,6)	2,380	2,360 (-0,84)
	5350	1,680 (-27,7)	2,325	2,333 (0,34)
196 dias	2096	1,890 (-29,5)	2,679	2,726 (1,75)
	5407	1,868 (-29,8)	2,660	2,685 (0,93)
	1947	1,447 (-41,7)	2,480	2,567 (3,50)
	2061	1,718 (-29,1)	2,423	2,464 (1,69)
	18	1,762 (-26,6)	2,401	2,440 (1,62)

¹ Valores entre parênteses expressam os desvios, em percentagem, dos valores genéticos preditos considerando homogeneidade em relação aos preditos com FO6.

² Valores entre parênteses expressam os desvios, em percentagem, dos valores genéticos preditos com FL5 em relação aos preditos com FO6.

Conclusões

As estimativas de variâncias, herdabilidades, correlações e a predição dos valores genéticos foram afetadas pela modelagem da variância residual. Portanto, a utilização de heterogeneidade de variâncias residuais para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento dos ovinos Santa Inês em estudo, é necessária.

A melhor modelagem da variância residual foi a que considerou uma função de variância com polinômios ordinários de ordem seis. Todavia, a função de variância que empregou um polinômio de Legendre de ordem cinco acomodou as mudanças nas variâncias residuais com a idade.

Literatura Citada

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.
- FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J.H.J.; BANKS, R.G. et al. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v.89, p.175-185, 2004.
- LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.
- MEYER, K. "DXMRR" – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: University of New England, 1998. CD ROM.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal Animal Breeding Genetic**, v.116, p.181-203, 1999.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, p.487-514, 2001.
- MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal Animal Breeding Genetic**, v.122, p.73-85, 2005.
- SARMENTO, J.L.R; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Parâmetros genéticos de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variâncias residuais. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 42, 2005, Goiânia, GO, **Anais...** Goiânia:Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005, (CD-ROM).
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 41, 2004b, Campo Grande, MS, **Anais...** Campo Grande:Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004, (CD-ROM).

- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.1, p.68-77, 2006a.
- 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, 2006b.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1252-1262, 1999.
- SNYMAN, M.A; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. et al. Direct and maternal (co)variance components and heritability estimates for body weight different ages and fleece traits in Afrino sheep. **Livestock Production Science**, v.44, p.229-235, 1995.

Capítulo 4

Comparação de modelos regressão aleatória para a descrição da curva de crescimento de ovinos Santa Inês

Resumo: Funções polinomiais da idade de diferentes ordens foram avaliadas na modelagem dos efeitos aleatórios associados ao estudo genético da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. Os efeitos fixos incluídos nos modelos de análise foram grupos de contemporâneos, a idade da ovelha ao parto e os polinômios de Legendre da idade de ordem quatro para representar a curva média de crescimento. Na parte aleatória, consideraram-se funções de diferentes ordens para modelar as variâncias associadas aos efeitos genéticos aditivos direto e materno e aos efeitos de ambiente permanente de animal e da mãe. A variância residual foi ajustada por meio de um polinômio ordinário da idade de ordem seis. O ajuste das variâncias nos dados melhorou com o aumento da ordem das funções. De acordo com o valor do critério AIC e o teste da razão de verossimilhança, uma função contínua com as ordens cinco, cinco, sete e três, respectivamente, para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e o ambiente permanente de animal e da mãe ($k=5573$), foi suficiente para ajustar a variância nos dados. Todavia, um modelo mais parcimonioso foi sugerido com base no BIC, com as ordens três, três, cinco e três ($k=3353$), para os mesmos efeitos acima. Verificou-se que o modelo com $k=5573$, por ser mais flexível, permitiu estimar parâmetros genéticos inconsistentes com o biologicamente esperado. Os valores genéticos preditos por meio dos modelos com $k=3353$ e $k=5573$ diferiram, principalmente, em idades jovens. O modelo $k=3353$ permitiu ajustar as mudanças das variâncias e covariâncias com o tempo, podendo ser utilizado para descrever as mudanças nas variâncias com a idade dos ovinos Santa Inês estudados.

Palavras-chave: componentes de variância, herdabilidade, polinômios de Legendre, ovinos deslançados, valor genético

Introdução

As estimativas de componentes de (Co)variâncias e a predição de valores genéticos para características de crescimento em ovinos Santa Inês têm sido obtidas a partir de pesos ajustados a idades padrão, como nascimento, 56, 112 e 196 dias de idade. Esses dados têm sido analisados por meio de um modelo animal em análises uni ou multicaracterísticas, ou seja, assume-se que cada peso é uma característica diferente (Sousa et al., 1999; Sarmiento et al., 2006b). Esse modelo pode ser entendido como um modelo de dimensão finita, em que uma escala contínua é arbitrariamente dividida em intervalos (Meyer, 1998b) e apenas alguns pontos da curva de crescimento são mensurados. Além disso, percebe-se que os pesos mensurados sequencialmente ao longo do tempo, normalmente à intervalos de vinte e oito dias, não são efetivamente utilizados nas análises comumente realizadas.

Neste sentido, a utilização de métodos que consigam incorporar toda a informação de um animal, que permitam estimar mais precisamente os fatores de ambiente e que possibilitem utilizar dados observados, em substituição aos estimados, com vistas a incrementar a acurácia e as possibilidades de seleção e melhoramento genético, são convertidas em uma estratégia poderosa, particularmente facilitada pelos avanços ocorridos na área de informática. Sendo assim, a utilização de uma característica resumo (característica de dimensão finita, como o peso vivo de um cordeiro ajustado a uma idade padrão) em comparação com as características originalmente repetidas ao longo do tempo (característica de dimensão infinita ou característica longitudinal, como pesos medidos ao longo do tempo), a partir de onde se estima a característica resumo, tem sido questionada.

Uma possibilidade de análise de características longitudinais foi apresentada por Henderson Jr. (1982), que se baseia na utilização de modelos que empregam coeficientes de regressão tratados como aleatórios e que, atualmente, são denominados de modelos de regressão aleatória. Schaeffer & Dekkers (1994) apresentaram as bases gerais para tratar características longitudinais (produção de leite no dia do controle) por meio dos modelos de regressão aleatória, portanto, sendo reconhecido como o primeiro trabalho propondo a aplicação da teoria proposta por Henderson Jr. (1982). Vários

pesquisadores têm mencionado as vantagens da utilização dos modelos de regressão aleatória (Kirkpatrick & Heckman, 1989; Meyer & Hill, 1997; Jamrozik et al., 1997; Meyer, 2004) sobre os tradicionais modelos de análise (repetibilidade e multicaracterísticas), as quais foram resumidas por Sarmiento et al. (2006a).

Ao ajustar um modelo de regressão aleatória, implicitamente, ajusta-se uma função contínua que permite descrever as mudanças genéticas e ambientais com o passar do tempo. Vários trabalhos têm empregado como funções contínuas os polinômios ortogonais de Legendre, os quais podem requerer ordens de ajustes diferentes para cada efeito aleatório contido no modelo de análise.

A falta de um modelo apropriado, isto é, o desconhecimento da ordem de ajuste mais apropriada para a função empregada, pode influenciar erroneamente a partição da variância fenotípica nas variâncias devido aos efeitos incluídos no modelo. Em ovinos de corte, poucos estudos foram realizados para avaliar a ordem de ajuste necessária das funções contínuas aplicadas aos modelos de regressão aleatória. Lewis & Brotherstone (2002) modelaram as regressões aleatórias por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordem cinco para os efeitos genético direto e de ambiente permanente de animal e três para o efeito materno (sem particioná-lo em genético e ambiente permanente). Fischer et al. (2004), ao estudarem a curva de crescimento de cordeiros Poll Dorset, modelaram as regressões aleatórias por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordens três, dois, três e três, respectivamente, para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e aos efeitos de ambientes permanentes de animal e materno. Posteriormente, Sarmiento et al. (2006a), estudaram o crescimento de ovinas da raça Santa Inês por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordem três ou quatro todos os efeitos aleatórios (efeitos genéticos aditivos direto e materno e efeito de ambiente permanente de animal). Segundo esses autores, o modelo de ordem quatro foi mais adequado às avaliações genéticas para as características de crescimento estudadas.

Desta forma, objetivou-se com este trabalho comparar diferentes modelos de regressão aleatória ajustados por meio de funções polinomiais de Legendre

de diferentes ordens para avaliar o que melhor se adequará ao estudo genético da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês.

Material e Métodos

Descrição dos dados

Foram utilizados 17.767 registros de pesos referentes a 4.210 cordeiros provenientes de três rebanhos experimentais de ovinos da raça Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e Empresa de Pesquisa Agropecuária Brasileira (EMBRAPA Caprinos e EMBRAPA Tabuleiros Costeiros). Consultar o primeiro capítulo para maiores detalhes.

Modelos e análises

Polinômios ortogonais de Legendre da idade foram utilizados como funções contínuas para representar as regressões fixa e aleatória. Generalizando, os modelos ajustados por funções de diferentes ordens para os efeitos aleatórios podem ser representados como segue:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=1}^4 \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^{k_c-1} \rho_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^{k_m-1} \gamma_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^{k_q-1} \delta_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ij} é o peso no $j^{\text{ésimo}}$ dia do $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; F refere-se a um conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (1.112 subclasses) e pela covariável idade da ovelha ao parto, efeitos linear e quadrático; β_m é o $m^{\text{ésimo}}$ coeficiente de regressão fixo do peso sobre o polinômio de Legendre, representado por uma função cúbica, para modelar a curva média de crescimento da população, como determinado no segundo capítulo; α_{im} , γ_{im} , δ_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para o $i^{\text{ésimo}}$ cordeiro; k_a , k_m , k_q e k_c são as ordens de ajustes dos polinômios de Legendre correspondentes, as quais variaram de dois a sete, para averiguar a ordem mais apropriada para cada efeito aleatório; ϕ_m é a $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre da idade padronizada ($-1 < \text{idade} < 1$); e ε_{ij} denota o efeito aleatório residual.

A variância residual foi considerada heterogênea por meio de uma função de variância sob polinômio ordinário de ordem seis, como foi verificado no terceiro capítulo. As variâncias residuais heterogêneas podem ser representadas por: $\sigma_j^2 = \sigma_0^2 \left(1 + \sum_{r=1}^6 \beta_r (a_{ij}^*)^r \right)$, em que σ_j^2 é a variância residual na $j^{\text{ésima}}$ idade, σ_0^2 corresponde à variância do intercepto, β_r representa os coeficientes de regressão da função de variância e a_{ij}^* denota as idades de medições.

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

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 c + Z_3 m + Z_4 q + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ m \\ q \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \begin{aligned} \text{Var}(a) &= K_a \otimes A, \\ \text{Var}(c) &= K_c \otimes I_{N_d}, \\ \text{Var}(m) &= K_m \otimes A, \\ \text{Var}(q) &= K_q \otimes I_{N_m}, \\ \text{Var}(e) &= R; \end{aligned}$$

em que y é um vetor de N observações referentes a N_d animais; b é um vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes b_m da regressão fixa; a é um vetor $k_a \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que N_D representa o número de animais na matriz de parentesco (5.357); c é um vetor $k_c \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória ambiente permanente de animal; m é um vetor $k_m \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos; q é um vetor $k_q \times N_m$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno, sendo N_m igual ao número de mães com progênie que tem observações; e é um vetor de erros aleatórios; X , Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto, ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente. K_a , K_c , K_m e K_q são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, ambiente permanente de animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, respectivamente; A é a matriz dos numeradores do

coeficiente de parentesco entre os indivíduos; I_{Nd} é uma matriz identidade de dimensão N_d ; I_{Nm} é uma matriz identidade de dimensão N_m ; \otimes o produto de Kronecker; R uma matriz diagonal de variâncias residuais com elementos estimados de acordo com a função descrita anteriormente, $R = diagonal[\sigma_j^2]$. A covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno foi assumida como sendo igual a zero.

As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente de animal e materno, conforme o modelo ajustado, foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o programa DXMRR do software DFREML (Meyer, 1998a).

Os diferentes modelos foram comparados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC).

Além disso, os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos estimados ao longo da curva de crescimento obtidos pelos modelos que empregaram as funções com as melhores ordens de ajuste foram inspercionados e comparados aos estimados por meio de análises univariadas. Valores genéticos foram preditos para peso ao nascimento, aos 112 e aos 196 dias de idade para avaliar a classificação, por meio da correlações de Spearman, dos animais quando se empregou diferentes modelos.

Resultados e Discussão

O emprego de modelos de regressão aleatória por meio de funções polinomiais de Legendre requer, inicialmente, a definição da ordem mais apropriada para cada efeito aleatório considerado no modelo de análise. Para permitir um estudo detalhado, iniciou-se utilizando um modelo ajustando apenas o intercepto ($k_a = 1$, $k_m = 1$, $k_c = 1$ e $k_q = 1$, ou seja, $k=1111$, em que os quatro dígitos correspondem a ordem de ajuste para k_a , k_m , k_c e k_q , respectivamente), correspondendo a um modelo de repetibilidade (Tabela 2). Observa-se na Tabela 2 que o modelo 1 apresentou os piores valores para todos os critérios utilizados, sugerindo que o mesmo foi inadequado, isto é, que

as estimativas de variâncias constantes não são apropriadas à curva de crescimento dos ovinos em estudo. Resultados semelhantes foram constatados em bovinos de corte por Meyer (1998b) e Sakaguti (2000).

Tabela 2 - Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log L), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC), número de parâmetros estimados (NP) e teste da razão de verossimilhança (LRT) para os modelos estudados

Modelo ¹	Log L ²	AIC ²	BIC ²	NP	LRT	P ³
1 – 1111	-5209,6	10281,7	9941,9	9	-	-
2 – 2222	-1063,9	2006,2	1728,7	17	(2-1) 8291,4	<0,0001
3 – 3333	-223,1	348,6	164,6	29	(3-2) 1681,6	<0,0001
4 – 3343	-129,9	170,2	17	33	(4-3) 186,4	<0,0001
5 – 3353	-96,8	114	0	38	(5-4) 66,2	<0,0001
6 – 3363	-71,6	75,7	8,4	44	(6-5) 50,4	<0,0001
7 – 4363	-51,8	44	7,8	48	(7-6) 39,6	<0,0001
8 – 5363	-41,5	33,5	36,3	53	(8-7) 20,6	0,0009
9 – 5463	-27,5	13,5	47,4	57	(9-8) 28	<0,0001
10 – 5563	-19,4	8,1	76,1	62	(10-9) 16,2	0,006
11 – 5564	-16,4	9,2	113,2	66	(11-10) 6	0,2
12 – 5573	-8,8	0	127,4	69	(12-10) 21,2	0,003
13 – 6573	-3,4	1,2	175,2	75	(13-12) 10,8	0,095
14 – 7573	0	8,4	237	82	(14-12) 17,6	0,17

¹ Ordem de ajuste para os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente de animal e ambiente permanente da mãe, respectivamente.

² Valores expressos como desvio do melhor valor.

³ Valor de probabilidade do LRT.

Posteriormente, as ordens de ajuste das funções contínuas foram aumentadas gradativamente, de modo a permitir determinar a ordem mínima necessária para descrever as variâncias e a estrutura de covariância em função do tempo para cada efeito aleatório. Observa-se na Tabela 2 que os ajustes linear ($k_a = 2$, $k_m = 2$, $k_c = 2$ e $k_q = 2$, equivalente a k=2222) e quadrático (k=3333) para todos os efeitos propiciaram valores maiores para o Log L (P<0,01 pelo LRT) e menores de AIC e BIC, indicando que estes foram superiores ao ajuste em que as variâncias foram mantidas constantes. Todavia estes valores do Log L, AIC e BIC foram piores que os valores obtidos com modelos de ordens de ajustes superiores, sugerindo que os mesmos propiciaram ajustes simplificados para representar as mudanças nas variâncias em função do tempo.

De modo geral, verificou-se que houve melhoria nos valores dos critérios utilizados com ordens superiores a três, embora os critérios tenham diferido quanto a indicação da ordem mínima necessária. De acordo com Log L, as ordens mais altas para os efeitos produziram maiores valores, sugerindo que o modelo mais parametrizado (modelo 14, com 82 parâmetros a serem estimados) com $k=7573$, respectivamente, para os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente de animal e ambiente permanente da mãe, proporcionou melhor ajuste. Porém, ao avaliar o resultado do teste da razão de verossimilhança (LRT), observou-se que as ordens $k_a = 6$ e $k_a = 7$ para o efeito genético aditivo direto não diferiram estatisticamente ($P > 0,05$) de $k_a = 5$, indicando que ordens superiores a esta para o efeito em questão não proporcionam melhorias no ajuste.

Ao observar os resultados obtidos com critério de informação de Akaike (AIC), verificou-se que houve melhoria nos seus valores com o aumento das ordens de ajustes até certo ponto. De acordo com este critério, o modelo considerando funções com as ordens $k=5573$ (69 parâmetros) foram suficientes para ajustar as (co)variâncias ao longo da trajetória de crescimento. Desta forma, pela indicação do AIC e do LRT, este modelo foi o mais adequado para modelar as curvas genéticas e de ambiente permanente na população em estudo.

Entretanto, o critério de informação Bayesiano (BIC), por impor fatores de penalidades mais rigorosas que o AIC, em função do número de parâmetros estimados, diferiu da indicação anterior. Com base nos valores obtidos por este critério, o modelo que empregou funções com as ordens $k=3353$ (38 parâmetros), respectivamente, para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente do animal e da mãe, foi suficiente para modelar as mudanças nas variâncias com a idade.

Lewis & Brotherstone (2002) verificaram que um modelo com $k=553$ foi suficiente para modelar as variâncias devido aos efeitos genético aditivo direto, ambiente permanente de animal e ambiente permanente da mãe. Fischer et al. (2004) ajustaram modelos menos parametrizados, sendo o de maior ordem igual a três para todos os efeitos aleatórios. Os autores verificaram que o melhor ajuste foi obtido com o modelo que empregou $k=3233$, respectivamente,

para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente de animal e da mãe. Sarmiento et al. (2006a), ao comparem as ordens três ou quatro, para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente de animal, verificaram que a maior ordem proporcionou melhor ajuste. Além disso, pelos resultados verificados, vale ressaltar que a utilização da mesma ordem para todos os efeitos aleatórios pode não ser uma boa estratégia de análise.

As estimativas de (co)variâncias e correlações entre os coeficientes de regressão aleatória para o modelo cuja função empregou $k=3353$ e $k=5573$, estão apresentadas nas Tabelas 3 e 4, respectivamente. Observa-se que o intercepto foi correlacionado positivamente com o coeficiente linear e negativamente com os demais coeficientes. As correlações entre os coeficientes de regressão variaram de baixa a alta, sendo as mais altas verificadas com o ajuste do modelo $k=3353$ para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente materno. Correlações positivas entre o intercepto e o coeficiente linear também foram descritas por Fischer et al. (2004).

Em todos os efeitos aleatórios incluídos no modelo, o intercepto explicou a maior proporção da variância. Quando o modelo mais parametrizado foi empregado houve um maior número de autovalores associado à matriz dos coeficientes próximos de zero, o que pode ter sido causado pelo aumento da multicolinearidade devido ao aumento da ordem de ajuste da função empregada, o que sugere redução na dimensionalidade.

Tabela 3 – Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e os autovalores da matriz dos coeficientes para o modelo com $k=3353$

1	2	3	4	5	Autovalor (%)
Efeito genético aditivo direto ($k_a = 3$)					
2,607	0,99	-0,87			99,47
0,90	0,312	-0,91			0,53
-0,352	-0,130	0,062			0,00
Efeito genético aditivo materno ($k_m = 3$)					
2,340	0,93	-0,91			0,98
0,717	0,254	-0,76			1,32
-0,307	-0,085	0,048			0,20
Efeito de ambiente permanente de animal ($k_c = 5$)					
8,894	0,83	-0,52	0,061	-0,17	91,89
3,217	1,681	-0,21	-0,23	-0,07	5,20
-0,945	-0,170	0,360	0,16	-0,32	2,16
0,062	-0,102	0,032	0,120	0,07	0,73
-0,122	-0,021	-0,046	0,006	0,058	0,02
Efeito de ambiente permanente materno ($k_q = 3$)					
0,752	0,66	-0,99			98,84
0,072	0,016	-0,69			1,05
-0,267	-0,027	0,096			0,11

Tabela 4 – Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e autovalores associados à matriz dos coeficientes para o modelo com $k= 5573$

1	2	3	4	5	6	7	Autovalor (%)
Efeito genético aditivo direto ($k_a = 5$)							
2,777	0,97	-0,41	0,79	-0,57			98,43
0,808	0,247	-0,54	0,77	-0,44			1,10
-0,0964	-0,037	0,019	-0,60	-0,16			0,29
0,157	0,046	-0,010	0,014	-0,09			0,19
-0,147	-0,034	-0,003	-0,001	0,023			0,00
Efeito genético aditivo materno ($k_m = 5$)							
2,391	0,80	-0,94	0,62	-0,07			96,06
0,571	0,211	-0,89	0,16	0,33			3,31
-0,250	-0,070	0,029	-0,58	-0,19			0,52
0,152	0,011	-0,015	0,025	-0,19			0,11
-0,015	0,019	-0,004	-0,003	0,015			0,00
Efeito de ambiente permanente de animal ($k_c = 7$)							
8,891	0,83	-0,52	-0,007	-0,05	-0,15	-0,22	90,47
3,441	1,905	-0,17	-0,13	-0,22	-0,30	0,12	5,98
-1,016	-0,157	0,428	0,31	-0,42	-0,21	0,05	2,25
-0,007	-0,070	0,079	0,143	0,02	-0,39	-0,16	0,64
-0,040	-0,077	-0,069	0,002	0,061	0,59	0,10	0,57
-0,111	-0,101	-0,034	-0,036	0,036	0,060	0,05	0,08
-0,072	0,017	0,003	-0,006	0,002	0,001	0,011	0,00
Efeito de ambiente permanente materno ($k_q = 3$)							
0,772	0,80	-0,99					98,60
0,131	0,034	-0,82					1,40
-0,228	-0,040	0,067					0,00

De acordo com Legarra et al. (2004), ajuste perfeito aumenta a demanda computacional (memória e capacidade de processamento) e a susceptibilidade a erros numéricos. Desta forma, modelos mais parcimoniosos devem ser preferidos. Todavia, a seleção da ordem do polinômio a ser utilizada não é uma tarefa fácil e, para isto, os autovalores podem ser uma ferramenta útil (Foulley & Robert-Granié, 2002). Sendo assim, ao analisar os autovalores apresentados nas Tabelas 3 e 4, verifica-se que o modelo com as ordens mais elevadas, $k=5573$ para os efeitos aleatórios proporcionou pouca melhoria no ajuste, o que é refletido nos autovalores que explicaram muito pouco da variância total. Desta forma, a dimensionalidade para os efeitos aleatórios em questão, poderia ser reduzida sem perda de informação, como indicado pelo BIC.

Contudo, Legarra et al. (2004) alertam para o fato de que a redução da dimensionalidade devido à eliminação de autovalores próximos de zero não é indicada em todos os casos, uma vez que, ao adotar este critério, pode resultar em modelagem simplista ou inadequada. Assim, optou-se por inspecionar os componentes de variância estimados pelos diferentes modelos e os parâmetros genéticos resultantes.

As estimativas das variâncias do nascimento aos 196 dias de idade, para cada efeito aleatório, obtidas pelos modelos sugeridos pelo AIC e BIC, estão apresentadas na Figura 2. As estimativas da variância genética aditiva direta apresentaram tendência de crescimento do nascimento aos 196 dias de idade, com pequenas diferenças entre as funções ajustadas e destas com as estimadas por análises unicaracterística. O modelo com $k=3353$ descreveu uma curva mais suave e o com $k=5573$ apresentou ligeiras oscilações ao longo da curva, possivelmente por ser mais flexível. Ambos os modelos estimaram variâncias genéticas aditivas diretas condizentes com as estimadas com o modelo tradicional.

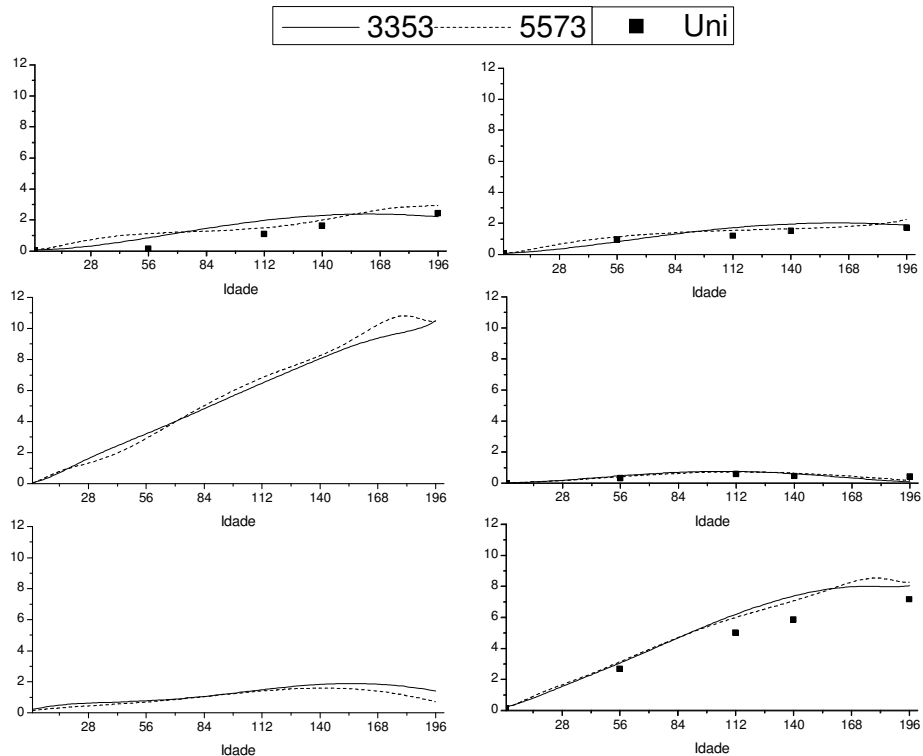


Figura 2 - Estimativa de componentes de variâncias genética direta (acima e à esquerda), genética materna (acima e à direita), ambiente permanente de animal (no meio à esquerda), ambiente permanente materno (no meio à direita), residual e fenotípica (dividido por 2) para os modelos com $k=3353$, $k=5573$ e $k=7573$ e por análises unicaracterística (Uni).

Estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas crescentes ao longo da trajetória foram relatadas por Lewis & Brotherstone (2002), Fischer et al. (2004) e Sarmiento et al. (2006a). Todos os autores descreveram comportamentos suaves, sem mudanças bruscas ao longo da trajetória, semelhante ao comportamento estimado pelos modelos com $k=3353$ e $k=5573$. Em bovinos de corte, Meyer (2001) e Albuquerque & Meyer (2001) também descreveram estimativas crescentes ao longo do período estudado, com ligeira tendência de diminuição ao final da curva de crescimento.

A variância genética aditiva materna estimada também apresentou comportamento crescente, todavia com magnitude ligeiramente inferior à variância genética aditiva direta (Figura 2). As variâncias genéticas aditivas maternas estimadas pelos dois modelos foram semelhantes e condizentes com

as estimadas em análises univariadas, com pequenas diferenças no final, onde o modelo com $k=5573$ proporcionou ligeiro aumento. Fischer et al. (2004) estimaram variância genética aditiva materna praticamente constante até os 200 dias de idade, diferentemente de Sarmiento et al. (2006a) que descreveram uma trajetória crescente até próximo aos 140 dias de idade, com suave tendência de decréscimo em seguida. Em bovinos de corte, Meyer (2001) estimou variâncias genéticas aditivas maternas crescentes do nascimento aos 250 dias de idade. Já Albuquerque & Meyer (2001), estimaram variância genética aditiva materna crescente até próximo dos 200 dias, tendendo a decrescer até os 600 dias de idade.

As estimativas da variância de ambiente permanente de animal foram crescentes do nascimento aos 196 dias de idade (Figura 2), com pequenas diferenças entre os modelos estudados no final da curva de crescimento, em que o modelo com $k_c = 7$ proporcionou aumento mais acentuado, quando comparado como modelo com $k_c = 5$. Considerando a mesma faixa de idade deste estudo, Fischer et al. (2004) também estimaram variâncias de ambiente permanente de animal crescentes, semelhante ao comportamento relatado por Sarmiento et al. (2006a).

Para o ambiente permanente materno, as variâncias estimadas foram semelhantes nos dois modelos (Figura 2), uma vez que os mesmos empregaram ordens iguais, $k_q = 3$. As variâncias estimadas foram baixas e semelhantes às obtidas em análises univariadas.

A estimativa da variância fenotípica aumentou com o aumento da idade até próximo aos 150 dias de idade, a partir de onde apresentou ligeira desaceleração no crescimento (Figura 2). As variâncias fenotípicas estimadas pelos dois modelos foram semelhantes e próximas às estimadas por meio de análises que consideraram cada peso como uma característica. A variância residual estimada apresentou comportamento semelhante ao da variância fenotípica, porém de magnitude inferior. As variâncias residuais foram crescentes até próximo aos 150 dias de idade, porém o modelo mais parametrizado, $k=5573$, estimou variâncias ligeiramente menores, principalmente depois dos 140 dias de idade, o que era esperado devido ao maior número de parâmetros a ser estimado.

As herdabilidades diretas estimadas pelos modelos $k=3353$ e $k=5573$ foram ligeiramente diferentes no início da curva. Como se observa na Figura 3, as estimadas com $k=3353$ decresceram do nascimento (0,16) aos 15 dias (0,09), cresceram deste ponto até próximo aos 112 dias (0,16), a partir de onde diminuíram suavemente até os 196 dias de idade (0,14). As estimadas com $k=5573$ aumentaram do início do período estudado, com uma herdabilidade próxima a 0,18, até os 28 dias (0,21), de onde diminuíram até os 112 (0,12) e, em seguida, retornaram a apresentar uma trajetória crescente até os 196 dias de idade (0,18). Verificou-se que a função com $k=3353$ estimou herdabilidades diretas mais próximas às estimadas em análises univariadas no período que antecedeu a desmama do que a função com $k=5573$. A partir dos 112 dias de idade, as estimadas com a função $k=5573$ foram mais similares às obtidas com os modelos tradicionais, apesar das diferenças entre $k=3353$ e $k=5573$ serem pequenas.

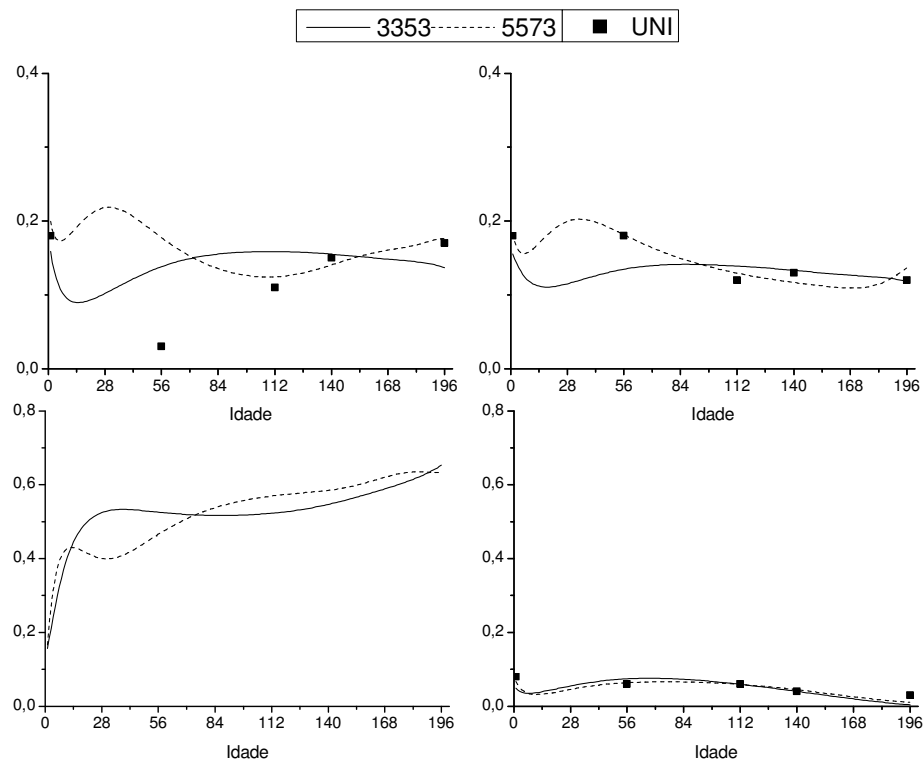


Figura 3 - Estimativas de herdabilidade direta (acima e à esquerda) e materna (acima e à direita), componentes de variância para ambiente permanente de animal (abaixo e à esquerda) e materno (abaixo e à direita), como proporção da variância fenotípica, obtidas pelos modelos com $k=3353$ e $k=5573$, e por análises univariada (UNI).

Herdabilidades diretas crescentes ao longo da trajetória de crescimento foram estimadas por Lewis & Brotherstone (2002), com valores variando de 0,15, aos 15 dias, a 0,38, aos 150 dias de idade; Fischer et al. (2004), cujas herdabilidades variaram de próximo de 0,15, aos 50 dias, a 0,20, aos 200 dias de idade; e por Sarmiento et al. (2006a), onde as estimativas oscilaram de praticamente 0,0, ao nascimento, a 0,28, aos 196 dias de idade. Todavia, em análises tradicionais (modelo animal em análises uni ou bicaracterísticas), Sousa et al. (1999) estimaram herdabilidade decrescente do nascimento (0,12) aos 112 (0,03) dias e crescente dos 112 aos 196 (0,07) dias de idade. Sarmiento et al. (2006b), verificaram comportamento semelhante ao obtido por Sousa et al. (1999), exceto ao nascimento, onde a herdabilidade foi maior, 0,23. Resultados contrários a estes foram verificados por Snyman et al. (1995), obtidos com ovinos africanos, em que as herdabilidades estimadas aumentaram do nascimento (0,22) aos seis meses (0,47) de idade.

As herdabilidades maternas estimadas pelos modelos selecionados diferiram principalmente no período que antecedeu a desmama. Observa-se na Figura 3 que as estimativas de herdabilidade materna obtidas com o modelo $k=3353$ tenderam a decrescer do nascimento (0,16) até os 15 dias (0,11), subindo em seguida até os 84 (0,14), com ligeira tendência de decrescer ao aproximar do final do período de crescimento estudado, chegando a uma herdabilidade igual a 0,11. As herdabilidades maternas estimadas pelo modelo com $k=5573$ tenderam a aumentar do nascimento (0,15) aos 28 dias de idade (0,20), decrescendo, em seguida, uma trajetória decrescente com ligeiro aumento no final da curva, chegando a uma herdabilidade de 0,13 aos 196 dias de idade. Observa-se, ainda, na Figura 3 que o modelo com ordem $k_m = 5$ proporcionou estimativas de herdabilidades mais próximas às estimadas nas análises univariadas antes dos 112 dias de idade, não havendo, praticamente, diferenças após esta idade. Sarmiento et al. (2006a) estimaram herdabilidades crescentes do nascimento aos 56 dias de idade e decrescente posteriormente. Já Fischer et al. (2004) relataram herdabilidades praticamente constantes dos 50 aos 200 dias de idade, sendo todas abaixo de 0,1.

As estimativas de herdabilidade materna obtidas com o modelo com $k=5573$ tenderam a aumentar após o nascimento, o que também foi descrito

pelo modelo com $k=3353$, porém em menor magnitude. Entretanto, pelos valores de herdabilidade materna estimados com $k=5573$, a maior contribuição da mãe sobre a cria, herdabilidade materna maior que a direta, foi dos 56 aos 120 dias de idade, ou seja, na fase inicial do crescimento, as estimativas de herdabilidades diretas foram de magnitude superior às estimadas para o efeito materno, o que não é biologicamente esperado. A contribuição máxima da mãe sobre o fenótipo dos filhos, de acordo com as herdabilidades maternas estimadas com $k=3353$, ocorreu até os 56 dias, o que é biologicamente aceitável, pois nos primeiros dias de vida o cordeiro é totalmente dependente dos cuidados maternos, principalmente do leite produzido pela mãe. Ao considerar o fator biológico relacionado com os efeitos genéticos aditivos direto e materno, o modelo com a ordem $k=3353$, proporcionou estimativas de variâncias e herdabilidades que são mais consistentes. Maior contribuição materna até os 56 dias de idade foi descrita por Sarmiento et al. (2006a), todavia alguns autores relataram herdabilidades maternas sempre inferiores à direta em ovinos de corte (Snyman, et al., 1995, com modelos tradicionais; e Fischer et al., 2004, com regressão aleatória).

Após os 56 dias de idade, as estimativas de herdabilidade direta mantiveram-se superiores às maternas. Todavia, esperava-se maior declínio da herdabilidade materna ao aproximar dos 196 dias de idade. A persistência da contribuição do efeito materno sobre as crias até idades mais elevadas em ovinos de corte tem sido reportada por alguns autores, como Snyman et al. (1995), Sousa et al. (1999) e Sarmiento et al. (2006b). O resultado encontrado neste estudo pode ser devido ao manejo adotado nos rebanhos, que além de materem ao pé da ovelha, os cordeiros podem não ser efetivamente desmamados aos 112 dias de idade. Outro aspecto que pode estar relacionado com os resultados aqui obtidos é a falta de manejo alimentar apropriado para a fase inicial de crescimento dos cordeiros, o que pode intensificar e prolongar a dependência destes aos cuidados maternos. Uma outra hipótese que pode ser levantada é com relação à estrutura dos dados, onde o número de observações diminui consideravelmente depois da desmama, o que pode dificultar a partição correta da variância total na variância devido aos efeitos genéticos aditivos direto e materno.

A variância de ambiente permanente de animal como proporções da variância fenotípica estimadas pelos modelos com $k=3353$ e $k=5573$ foram semelhantes (Figura 3). As proporções das variâncias estimadas aumentaram com a idade, sendo o aumento de maior magnitude no início do período de crescimento. Observa-se que o modelo com $k=3353$ estimou valores superiores dos 28 aos 56 dias e inferiores posteriormente, embora os valores sejam mais próximos dos obtidos com $k=5573$. Resultados semelhantes foram relatados por Sarmiento et al. (2006a) em ovinos da raça Santa Inês. Tendência crescente para este efeito também foi relatada por Fischer et al. (2004), embora a ascensão tenha sido mais suave. Em bovinos de corte, Meyer (2001) descreveu comportamento similar.

As estimativas de variância de ambiente permanente da mãe, como proporção da variância fenotípica, praticamente não houve diferença entre os dois modelos selecionados, exceto no início da curva onde o modelo com $k=5573$ estimou valores ligeiramente maiores. As estimativas foram baixas, todas inferiores a 0,1, todavia apresentaram comportamento semelhante ao obtido com as análises univariadas. Estimativas com tendências contrárias a estas foram obtidas por Fischer et al. (2004), ou seja, a contribuição deste efeito decresceu dos 50 aos 200 dias de idade e foi superior à herdabilidade materna durante este período.

As estimativas de correlações genéticas diretas e maternas apresentaram pequenas diferenças. O aumento da ordem de três para cinco proporcionou o surgimento de algumas ondulações na superfície de correlações genéticas direta e materna (Figura 4). As correlações genéticas diretas variaram de 0,38 a próximo de um. Já as correlações genéticas maternas variaram de 0,60 a 1,0.

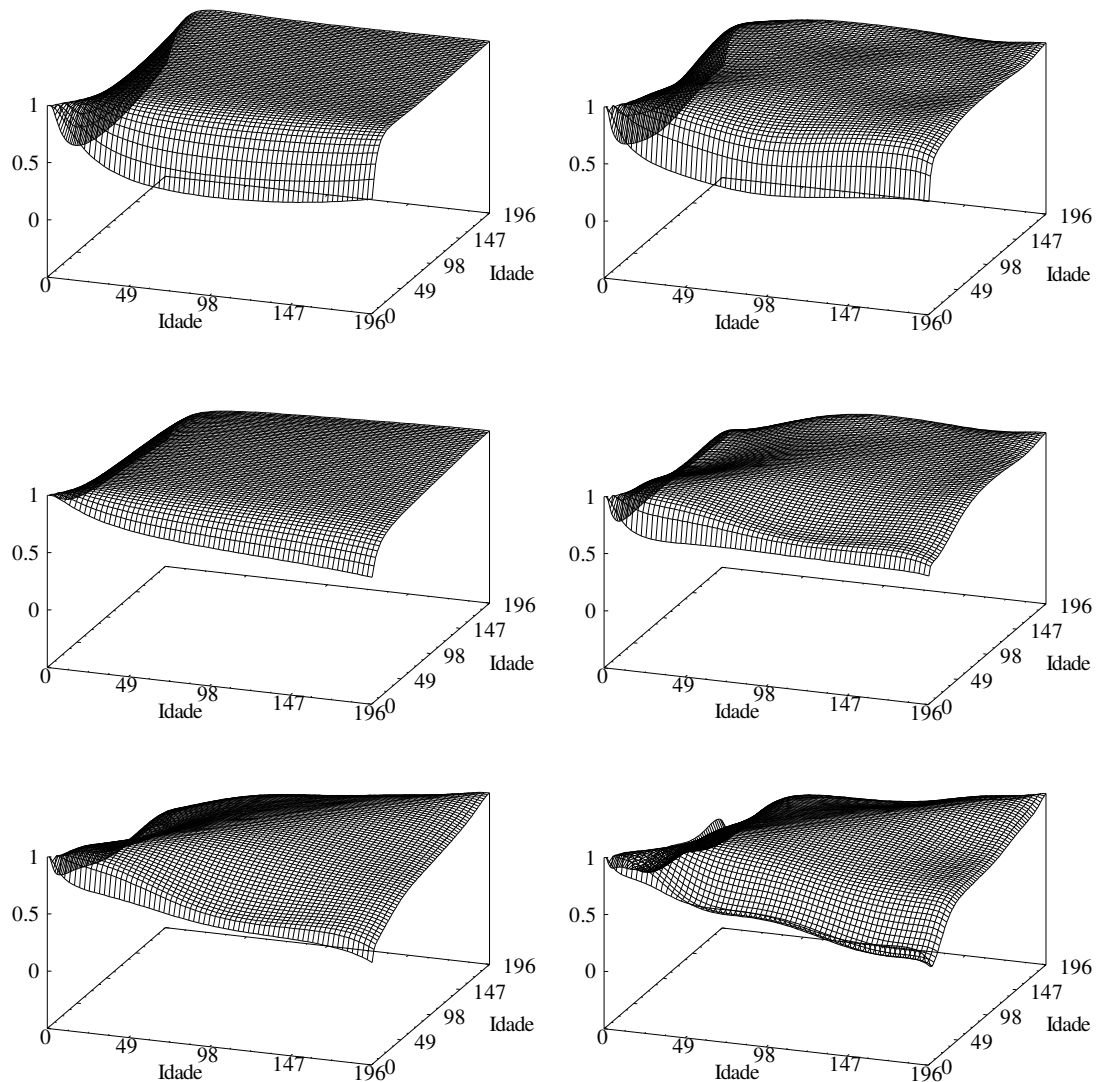


Figura 4 – Correlações genética direta (acima), genética materna (no meio) e de ambiente permanente de animal (abaixo) estimadas com $k=3353$ (à esquerda) e com $k=5573$ (à direita).

O comportamento verificado com as correlações de ambiente permanente de animal também diferiu entre os dois modelos (Figura 4). O modelo com $k=3353$ descreveu uma superfície de correlações mais plana que o modelo com $k=5573$. Como se observa na Figura 4, o aumento da ordem de ajuste de cinco para sete proporcionou o aparecimento de ondulações nas correlações e aumentos nos valores de correlações entre idades das extremidades da curva, o que não faz sentido, pois se espera que as mesmas

diminuem. As correlações estimadas variaram de 0,38 a 0,98 e de 0,34 a 0,99 com $k=3353$ e $k=5573$, respectivamente.

Para o ambiente permanente da mãe, praticamente não houve alteração nas correlações estimadas entre os dois modelos estudados (resultados não apresentados), o que era esperado, pois a mesma ordem de ajuste foi empregada nos dois modelos, $k_q = 3$.

Os valores genéticos diretos foram alterados em função da ordem de ajuste da função contínua. Observa-se na Figura 5 que as alterações foram em maior proporção no nascimento, onde a correlação de ordem (Spearman) entre os valores genéticos preditos com $k=3353$ e $k=5573$ foi apenas 0,67. Nos pesos à desmama e aos 196 dias de idade também se verificou alterações no ordenamento, todavia foram de magnitudes menores que as alterações verificadas ao nascimento.

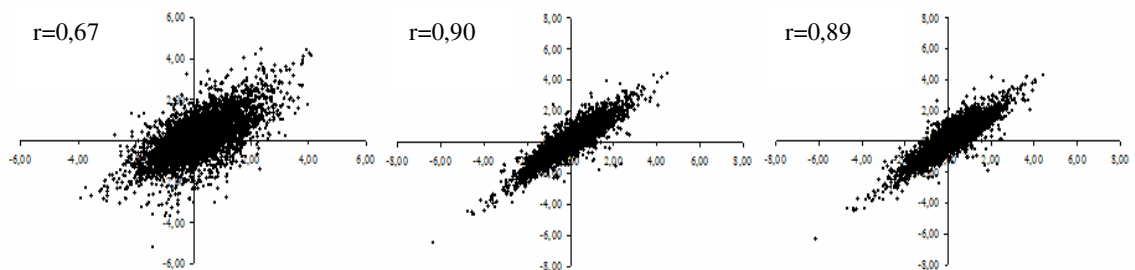


Figura 5 - Valores genéticos preditos, em unidades de desvio padrão, e a correlação de ordem (r) para peso ao nascimento (à esquerda), 112 (no meio) e aos 196 dias de idade (à direita), obtidos entre os modelos com $k=3353$, eixo x , e com $k=5573$, eixo y .

Pelos resultados apresentados, verificou-se que o modelo com $k=3353$ permitiu descrever mudanças nas variâncias condizentes com o biologicamente esperado. Já o modelo com $k=5573$, por ser mais flexível, proporcionou estimativas incoerentes de herdabilidade direta e materna e de correlações genéticas e de ambiente permanente de animal.

Conclusões

A utilização de uma função polinomial de Legendre com as ordens três, três, cinco e três para os efeitos genéticos direto e materno e ambiente permanente do animal e da mãe deve ser utilizada para descrever as mudanças nas (co)variâncias ao longo da curva de crescimento dos ovinos Santa Inês em estudo.

As herdabilidades estimadas indicam que a seleção para peso resultará em pequenos ganhos genéticos. A seleção para qualquer idade resultará em resposta correlacionada, no mesmo sentido, nas demais idades, embora resulte em ganhos genéticos pequenos.

Literatura Citada

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- FOULLEY, J.L.; ROBERT-GRANIE, C. Heteroskedastic random coefficient models. In: 7th. WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, **Proceedings...** Montpellier: 2002. CD-ROM.
- HENDERSON Jr., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, p.623-640, 1982.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226, 1997.
- KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.
- LEGARRA, A.; MISZTAI, I.; BERTRAND, J. K. Constructing covariance functions for random regression models for growth in Gelbvieh beef cattle. **Journal Animal Science**, v.82, p. 1564-1571, 2004.
- MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.
- MEYER, K. "DXMRR" – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998a, Armidale. **Proceedings...** Armidale: University of New England, 1998a. CD ROM.
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics, Selection and Evolution**, v. 30, p. 221-240, 1998b.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth weaning. **Genetics, Selection and Evolution**, v. 33, p.487-514, 2001.
- 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. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.73-85, 2005.
- SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariância e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. Viçosa; UFV, 2000. 81p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa. 2000.

- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.1, p.68-77, 2006a.
- 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, 2006b.
- SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: **Proceedings** 5th world congress genetic applied livestock production. Guelph, ON, Canada, p.443-446, 1994.
- SNYMAN, M.A; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. et al. Direct and maternal (co)variance components and heritability estimates for body weight different ages and fleece traits in Afrino sheep. **Livestock Production Science**, v.44, p.229-235, 1995.
- SOUSA, W. H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J. A. G.; SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.28, n.6, p.1252-1262, 1999.
- VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**, v.81, p.3300-3308, 1998.

Conclusões Gerais

As estimativas de parâmetros genéticos obtidas usando os modelos de regressão aleatória foram semelhantes às estimadas por meio de um modelo animal em análises unicaracterísticas e condizentes com as relatadas na literatura, sugerindo que estes modelos podem ser uma alternativa promissora para aplicação em programas de melhoramento genético de ovinos da raça Santa Inês.

Este estudo demonstrou que existe considerável variação genética na curva de crescimento, como demonstrado pelas estimativas das trajetórias para as variâncias genéticas. Assim, modelos que não utilizam funções contínuas da idade nos estudos genéticos associados à curva de crescimento podem ser inadequados.

Um modelo de regressão aleatória utilizando uma função polinomial de Legendre com as ordens três, três, cinco e três para os efeitos genéticos direto e materno e ambiente permanente do animal e da mãe mostrou-se eficiente para ajustar as variâncias e covariâncias em função da idade. O aumento nas ordens dos polinômios proporcionou a estimação de variâncias e covariâncias incoerentes com o biologicamente possível, além de aumentar os requerimentos computacionais, em termos de memória e capacidade de processamento, e a suscetibilidade a erros numéricos.

Análises de regressão aleatória em dados de crescimento de ovinos no Brasil, separando os efeitos genéticos aditivos direto e materno, são escassos. Essas análises são possíveis, embora requeram uma boa estrutura de dados e capacidade de processamento. A contribuição do efeito genético materno para a variância total permaneceu alta ao final do período estudo, podendo ser reflexo da estrutura dos dados utilizados ou do comportamento inerente à população de ovinos estudada. Neste sentido, estudos com amostras mais representativas e que incluam outros rebanhos devem ser realizados visando confirmar ou não os resultados aqui encontrados.

A utilização dos modelos de regressão aleatória requer o ajuste de uma função contínua fixa para representar a trajetória média de crescimento. A modelagem adequada desta trajetória média é importante pelo fato da curva de cada animal ser obtida como desvio da curva média. Pelos resultados

encontrados neste estudo, o impacto da modelagem da regressão fixa na predição dos valores genéticos foi pequeno. Isso pode ter ocorrido devido à forma da curva média da população, reflexo do curto período de tempo estudado, e do ajuste de uma única curva para a população como um todo. Entretanto, em ovinos, além do dimorfismo sexual, existe o tipo de nascimento do cordeiro, ou seja, se nasceu de parto simples ou duplo, que interferem consideravelmente no padrão de crescimento. Desta forma, é importante a realização de novos estudos que considerem esses fatores no ajuste da regressão fixa, como também reavaliem as conseqüências deste ajuste na avaliação genética de ovinos da raça Santa Inês.

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

Os modelos de regressão aleatória permitiram ajustar as mudanças nos efeitos genéticos e ambientais ao longo da curva de crescimento da população em estudo, possibilitando um entendimento mais amplo do comportamento dos componentes de variância envolvidos e permitindo a estimação de componentes de variância e a predição de valores genéticos em qualquer fase do período de crescimento estudado. Assim, esta metodologia pode ser uma alternativa viável de ser empregada em futuros programas de avaliação genética da raça.

Por outro lado, ainda são necessárias pesquisas nessa área, principalmente com relação à definição de funções que possibilitem identificar animais de crescimento rápido e com precocidade de acabamento. Com isso será possível alterar mais facilmente a forma da curva de crescimento, ou seja, animais de rápido crescimento em idades jovens e que atinjam elevados pesos à maturidade.