

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

SEVERINO CAVALCANTE DE SOUSA JÚNIOR

**ESTIMATIVAS DE FUNÇÕES DE COVARIÂNCIA PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DA RAÇA TABAPUÃ
UTILIZANDO MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**FORTALEZA
2007**

SEVERINO CAVALCANTE DE SOUSA JÚNIOR

**ESTIMATIVAS DE FUNÇÕES DE COVARIÂNCIA PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DA RAÇA TABAPUÃ
UTILIZANDO MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**Dissertação submetida à Coordenação do
Curso de Pós-Graduação em Zootecnia da
Universidade Federal do Ceará, como
requisito parcial para a obtenção do grau
de Mestre em Zootecnia
Área de Concentração: Produção e
Melhoramento Animal**

Orientadora: Profa. Dra. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira

**FORTALEZA
2007**

SEVERINO CAVALCANTE DE SOUSA JÚNIOR

**ESTIMATIVAS DE FUNÇÕES DE COVARIÂNCIA PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DA RAÇA TABAPUÃ
UTILIZANDO MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**Dissertação submetida à Coordenação do
Curso de Pós-Graduação em Zootecnia da
Universidade Federal do Ceará, como
requisito parcial para a obtenção do grau
de Mestre em Zootecnia
Área de Concentração: Produção e
Melhoramento Animal**

Aprovada em ____/____/____

BANCA EXAMINADORA

**Profa.Dr^a. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira (Orientadora)
Universidade Federal do Ceará - UFC**

**Profa.Dr^a. Lúcia Galvão de Albuquerque
Universidade Estadual de São Paulo - UNESP**

**Prof. Dr. Raimundo Martins Filho
Universidade Federal do Piauí - UFPI**

DEDICATÓRIA

Aos meus queridos pais que além de tudo sempre foram minha mais forte fonte de inspiração e que sempre estão comigo, aos meus irmãos e a minha querida vovó.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por ter me dado todas as oportunidades para chegar a este momento tão ímpar da minha vida.

Aos meus pais, que sempre estiveram ao meu lado me dando todo o apoio necessário.

Aos meus irmãos, que sempre se mostraram presentes quando precisei.

À minha namorada Sabrina, que sempre foi forte e companheira nos momentos difíceis, amável e alegre nos bons momentos de nossa convivência.

À minha orientadora professora Dra. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira, que além de me orientar, me ensinou algo muito mais valioso, a amizade, e a habilidade de lidar da melhor maneira possível com as situações do dia a dia, o que me fez ser hoje uma pessoa mais preparada.

À Universidade Federal do Ceará – UFC, de maneira especial ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realizar este curso de mestrado, o qual representa o alcance de mais um dos objetivos da minha vida.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Ensino Superior – CAPES, pela concessão da bolsa de estudo.

Ao professor Dr. Francisco de Assis Melo Lima, que sempre se mostrou presente e sensível nos momentos em que precisei de seu apoio.

Ao professor Dr. Raimundo Martins Filho (UFPI), por ter me disponibilizado os dados necessários para elaboração de minha dissertação.

À professora Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque (Unesp), por ter me dado orientação sobre a metodologia necessária para a elaboração desta dissertação, uma vez que a sua participação foi fundamental.

Às minhas professoras da Graduação, Ms^a. Ana Sansha , Ms^a Cláudia Goulart e Ms^a Fátima Révia, que mesmo à distância serão sempre pontos de referência e orientação na minha vida profissional.

Ao professor Dr. Magno José Duarte Cândido, pelos momentos de convivência durante meu curto período como professor substituto da Universidade Federal do Ceará - UFC.

Ao coordenador do Programa de Pós-Graduação da Universidade Federal do Ceará - UFC, na pessoa do professor Breno Magalhães Freitas, pelo apoio e dedicação a causa.

À Francisca Beserra, secretária da Pós – Graduação da Universidade Federal do Ceará – UFC, agradeço por todos os favores prestados e pela atenção dada por todos estes anos.

Aos companheiros do melhoramento genético animal Pedro Neto e Igor Daniell, agradeço a ajuda e apoio do dia a dia de trabalho e companheirismo.

À Marleide, pela presteza do trabalho, amizade e colaboração por um bom convívio.

Ao Dr. Professor José Lúcio Lima Guerra, e amigo por todos os ensinamentos e conselhos dados.

À Associação Brasileira de Criadores de Zebu – ABCZ, pela cessão dos dados.

Aos amigos Kildere Amorim Maciel e Aroldo Duarte, pela presença nas horas difíceis e descontração dos momentos alegres.

Ao mestre e amigo Luciano Ximenes, pelos conselhos e demonstrações de amizades que nunca esquecerei.

Ao Mestre José Ernandes, que me deu bons conselhos e pela ajuda com meu banco de dados.

Ao Mestre Lindenberg Sarmiento, pela ajuda e favores prestados no momento das análises.

Aos colegas de curso que conviveram comigo neste período tornando-o mais agradável de ser vivido e lembrado, Roberto Batista, Cutrim Júnior, Marcelo Milfont, Alexandre Weik, Ana Gláudia, Bruno Stefano, Cecília Áurea, Nelson Costa, Rômulo Augusto, Socorro Caldas, Eva mônica, Rossana Herculano, Gyselle, Irani, Roberto Cláudio, Francismá Júnior, Rafaele Moreira, Josemir Gonçalves, Alisson Ney, Joaquim e Sueli.

Aos recém chegados ao mestrado de melhoramento animal Adriano Caminha e Bartolomeu Neto, pela convivência.

À amiga Helena funcionária do laboratório de nutrição, pelos momentos alegres e descontraídos.

RESUMO

Utilizou-se 28.873 registros de pesos do quinto aos 660 dias de idade de 6.471 animais da raça Tabapuã, pertencentes ao arquivo do Controle do Desenvolvimento Ponderal da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) para estimar as funções de covariância utilizando modelo de regressão aleatória. Foram empregados como aleatórios os efeitos genético, aditivo direto e materno de ambiente permanente de animal e materno e como efeitos fixos foram considerados os grupos contemporâneos, a idade média das vacas ao parto como covariável. O resíduo foi modelado por funções de variâncias de ordem quíntinca. As análises com polinômios ortogonais foram realizadas para o efeito genético aditivo direto, ambiente permanente de animal e segundo efeito de animal (ambiente permanente materno e efeito materno) de ordens 4,5,2 e 3 respectivamente. Os modelos foram comparados pelos critérios de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) e de Akaike (AIC). As estimativas de herdabilidade para os efeitos diretos apresentam decréscimo do nascimento até a desmama e apresenta um leve aumento após a desmama para novamente tender a decrescer, com valores de 0,48 ao nascimento; 0,27 aos 240 dias e 0,14 aos 660 dias de idade. As correlações genéticas variaram de moderadas a altas, diminuindo conforme o aumento da distância entre as idades.

Palavras Chaves: Correlação genética, Gado de corte, Herdabilidade, Pesos.

ABSTRACT

The study used 28,873 weight records taken along the life of 6,471 animals of the race Tabapuã, from birth to 660 days of age, belonging to the animal archives of the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ) to estimate the covariance functions using the models of random regression. The genetic, additive direct and permanent environmental effects were used as random effects and the contemporary groups as fixed effects. The average age of the cows at delivery was used as covariate (linear and quadratic). The residue was modeled by functions of variances of quadratic order. The analyses with orthogonal polynomials were performed for the direct genetic effect, genetic animal permanent environment atmosphere of linear and quadratic. Models were compared by the Bayesian information criteria of Schwarz (BIC) and Akaike (AIC). The heritability estimates for the direct effects were greater in the beginning and by the end of the studied period, with values of 0,48 at birth, 0,27 to the 240 days and 0,14 to the 660 days of age. The genetic correlations varied from moderate to high, reducing as intensity in proportion to the increase of the increase of distance between ages the distance accordingly among the ages.

Key Words: Genetic correlation, Cattle for slaughter, Herdabilidade, Weights.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Distribuição do número de registros (barras) em média de peso em kg (linha), de acordo com a idade de animais da raça Tabapuã..... 27
- Figura 2 - Médias em kg (linha clara), e desvio padrão em kg (linha escura), de acordo com as idades de animais da raça Tabapuã..... 27
- Figura 3 - Desvio-padrão em kg e coeficiente de variação em %, de acordo com as classes de idades dos animais da raça Tabapuã..... 28
- Figura 4 - Estimativa dos componentes de variância genética aditiva direta entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã..... 30
- Figura 5 - Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente de animal entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã . 31
- Figura 6 - Estimativa de componentes de variância fenotípica entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã..... 31
- Figura 7 - Estimativa dos componentes de variância genética materna entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã..... 32
- Figura 8 - Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente materno entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã. 32
- Figura 9 - Estimativa de herdabilidade direta de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã 36

Figura 10 - Estimativa de herdabilidade materna de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã.	36
Figura 11 - Estimativa de correlação genética aditiva direta entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.....	42
Figura 12 - Estimativa de correlação fenotípica entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.	43
Figura 13 - Estimativa de correlação de ambiente permanente de animal entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.	43
Figura 14 - Estimativa de correlação genética materna entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.	44
Figura 15 - Estimativa de correlação de ambiente permanente materno entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.....	44

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Estrutura do arquivo de dados..... 20

TABELA 2 - Ordem das funções de covariância, número de parâmetros (NP), valores dos critérios de informação BCI e AIC (-100.000) e valores de Log (+50.000) para os diferentes modelos testados de acordo com a estrutura dos resíduos homogêneos ou função de variância (linear, quadrática, cúbica, quártica e quántica)..... 28

SUMÁRIO

RESUMO.....	06
ABSTRACT.....	07
LISTA DE FIGURAS.....	08
LISTA DE TABELAS.....	10
1 INTRODUÇÃO.....	12
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1 Estimativa de parâmetros genéticos de crescimento.....	14
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	19
3.1 Material.....	19
3.1.1 Origem dos Dados.....	19
3.1.2 Edição dos Dados.....	19
3.2. Métodos.....	20
3.2.1 Preparo do banco de dados.....	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
4.1 Medidas Descritivas.....	26
4.2 Variâncias.....	30
4.3. Estimativa de Herdabilidade.....	35
4.4 Estimativas de Correlação.....	39
5. CONCLUSÕES.....	46
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	47

1. INTRODUÇÃO

O Brasil possui o 2º maior rebanho bovino do mundo, e de acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2007), as exportações de carne bovina industrializada cresceram 40% em 2003 chegando a 1,4 milhões de toneladas, resultado que levou o Brasil à primeira posição do ranking do setor. Entretanto, a pecuária brasileira ainda se encontra submergida em baixos índices de eficiência reprodutiva e produtividade por falta de planejamento adequado e, principalmente, pela ausência de transferência e adoção de tecnologia.

A estrutura de produção de carne no Brasil envolve raças e composições genéticas de rebanhos diferentes. O principal grupo de produtores é representado por rebanhos comerciais de animais mestiços (zebu x europeu), com grande capacidade de adaptação às condições de produção a pasto.

Ainda existem poucas estimativas de parâmetros genéticos para as raças zebuínas nos trópicos, separando os efeitos direto e materno para as características de crescimento (ALBUQUERQUE, 2003), sendo a maioria obtida com um pequeno conjunto de dados.

As análises convencionais para estimar os componentes de covariância e os parâmetros genéticos para características de crescimento são realizadas, em geral, por meio de análises uni ou multicaracterísticas, com variâncias não estruturadas, sendo estes modelos denominados de “modelos de dimensão finita” (MEYER, 1998a). Nos modelos de dimensão finita, as covariáveis entre as produções nos diversos controles variam e as correlações podem ser menores que a unidade, não sendo feita pressuposições sobre a estrutura de

covariância. Assim, o número de parâmetros a ser estimado é igual a $[t(t+1)N] / 2$, onde t é o número de características ou de medidas repetidas por animal e N é o número de componentes de variância que serão estimados por característica (OLORI, 1997). O fator limitante para a utilização desta metodologia é o elevado número de características ou medidas repetidas por animal, o que torna as análises lentas e exige muita memória computacional (THOMPSON & HILL, 1990).

Os coeficientes de regressão aleatória foram propostos, primeiramente, por Henderson Jr. (1982) e Henderson (1984), mas em melhoramento genético animal, esta metodologia começou a ser usada por Shaeffer & Dekkers (1994) que apresentaram uma extensão dos “Test-day models”, denominados modelos de regressão aleatória (Random Regression Models).

Atualmente, este modelo é empregado para estudos em produção diária de leite e curvas de crescimento dentre outros. Vários trabalhos já foram realizados em bovinos de corte (SAKAGUTI, 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; EL FARO, 2002; MELO, 2003; DIAS, 2004 e SILVA, 2006). Através do estudo de dados longitudinais como características de crescimento em gado de corte, com o uso de modelos de regressão aleatória é possível obter parâmetros genéticos em qualquer idade eliminando os pré-ajustes nos dados por trabalhar com todas as pesagens disponíveis, com covariâncias adequadas.

O objetivo deste trabalho foi verificar a utilização dos modelos de regressão aleatória na avaliação de parâmetros genéticos, utilizando-se heterogeneidade de variância residual da curva de crescimento de bovinos da raça Tabapuã criados no Estado da Bahia.

2. REVISÃO DE LITERATURA

O bovino da raça Tabapuã é um zebuino geneticamente formado com característica mocha e originário do município de Tabapuã (SP). Os trabalhos de seleção iniciaram-se em 1940, na Fazenda Água Milagrosa, no interior de Goiás na propriedade da família Ortenblad.

Em 1º de janeiro de 1971, a raça foi reconhecida oficialmente e o número de registros e criadores tem aumentado consideravelmente nos últimos anos devido ao fato destes animais apresentarem, além do caráter mocho, uma conformação do tipo cárneo sustentada por ossatura leve e robusta, o que resulta em uma produção de excelentes carcaças (SILVA, 2004).

A raça está sendo selecionada para aumento de ganho de peso, através do programa de melhoramento genético de Zebus (PMGZ) da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), em parceria com o Instituto de Zootecnia de Sertãozinho, onde o objetivo é identificar e selecionar os animais geneticamente superiores seja por meio de provas de ganho em peso ou teste de progênie (ABCZ, 2006).

2.1. Estimativas de Parâmetros Genéticos de Crescimento

A avaliação genética e posterior seleção dos animais dependem, dentre outros fatores, da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos para as características de interesse. Existe ampla literatura relatando valores estimados de herdabilidade, repetibilidade e correlação genética para diversas características em inúmeras raças e espécies animais. Normalmente, em

bovinos de corte, para características de crescimento, os valores genéticos são preditos e os componentes de variância são estimados, levando em consideração os pesos às idades padrão, como por exemplo, nascimento, desmama, ano e sobreano, ou ganhos em peso entre estas idades, utilizando-se análise uni ou multi-características (DIAS, 2005).

As características de crescimento em bovinos de corte podem ser obtidas diversas vezes em um mesmo animal ao longo de sua vida. Registros deste tipo são denominados longitudinais. De acordo com Kirkpatrick & Lofsvold (1992), existem infinitas idades em que os pesos podem ser tomados para a descrição da trajetória da curva de crescimento.

Os pesos corporais ao longo da vida dos animais são umas das principais fontes de informação para avaliação genética de animais de corte. Normalmente, antes de serem utilizados na avaliação genética, estes pesos são ajustados a idades padrão, determinadas segundo princípios biológicos ou meramente cronológicos. A eficiência dos programas de melhoramento depende da precisão com que os indivíduos submetidos à seleção são avaliados. No processo de avaliação genética, são vários os fatores que podem interferir na sua eficiência, destacando-se, a quantidade e a qualidade das informações utilizadas, o modelo estatístico e a metodologia adotada.

Os modelos de regressão aleatória (MRA) são adequados para análises de modelos mistos de dados longitudinais ou medidas repetidas, em virtude de suprir as deficiências dos métodos convencionais de análises genéticas quantitativas, estes últimos os quais se consideram os valores fenotípicos intrinsecamente processos contínuos, como processos discretos. Com os modelos de regressão aleatória, os coeficientes de regressão aleatória em

função do tempo são obtidos para cada animal, ao invés do uso do modelo de repetibilidade para característica única ou do modelo de característica múltipla (MEYER, 1998a).

Outra vantagem deste modelo é estimar com maior acurácia os componentes de covariância genéticos e fenotípicos, pois levam em conta as mensurações em função do tempo, usando informações de todas as observações e, também, permitem obter estimativas para as variâncias de ambiente temporário ou erros de mensuração (KIRKPATRICK et al., 1990).

Os coeficientes de regressão aleatórios podem ser ajustados para cada fonte de variação do modelo. As covariâncias entre os coeficientes da regressão aleatória fornecem as funções de covariância similarmente, as estimativas dos coeficientes de regressão genética aditiva, para cada animal, fornecem a descrição da trajetória dos dados ou, especificamente, a curva de crescimento ou a curva de lactação.

Segundo Meyer (1989a), os modelos multicaracterísticas têm sido utilizados com covariâncias não estruturadas, assumindo que a produção em cada controle é uma característica diferente. Neste modelo, as covariâncias entre as produções nos diversos controles variam e as correlações podem ser menores que a unidade, mas não é feita qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias.

Kirkpatrick & Heckman (1989) introduziram o conceito de características de “dimensão infinita” para definir as características que podem ser descritas por função contínua. Como exemplo, os mesmos autores citaram 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, pode ser considerado como características diferentes. Assim, as variações dos indivíduos em relação a suas médias também seriam quantificadas por funções contínuas, denominadas funções de covariâncias.

Meyer (2004), utilizando MRA versus multicaracterística (MT) na avaliação genética para características de crescimento em bovinos de corte, constatou que o MRA apresentou acurácia em torno de 5% superior em relação às características analisadas pelo modelo multicaracterística.

Os MRAs têm sido reconhecidos como ideais para análises de dados longitudinais no melhoramento animal e utilizados para modelar grande variedade de características em diversas espécies, como bovinos de leite (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997; VAN DER WERF et al., 1998; URIBE et al., 2000; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003), bovinos de corte (SAKAGUTI, 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; ALBUQUERQUE, 2003; NOBRE et al., 2003) e ovino (KOMINAKIS et al., 2001; LEWIS & BROTHERSTONE, 2002; FISCHER et al, 2004).

Jamrozik & Schaeffer (1997) relataram que há vantagem na utilização do modelo de regressão aleatória na avaliação genética de bovinos de corte, devido a este modelo computar melhor os efeitos ambientais que podem afetar os animais em diferentes períodos da vida, tolerar formas distintas da curva de crescimento para cada vaca e também permitir avaliação baseada em um ou mais registros do dia da pesagem durante a produção.

Mercadante et al. (1995) e Lôbo et al. (2000), utilizando modelos finitos, apresentaram estimativas médias de herdabilidade para pesos em diferentes idades nos trópicos, para as raças zebuínas. Koots et al. (1994a) e Koots et al.

(1994b), apresentaram estimativas deste mesmo parâmetro em diversas raças, principalmente para as regiões temperadas.

Dias (2004) afirmou que os modelos de regressão aleatória mostraram-se adequados quando comparados com análises unicaracterísticas, para descrever as mudanças que ocorrem nas variâncias dos pesos do nascimento aos 550 dias de idade.

Nos modelos de regressão aleatória tem-se empregado, em sua maioria, o polinômio ortogonal de Legendre (OLORI et al., 1999; MEYER, 1998a; 1998c; 1999a, 2000; EL FARO, 2002; entre outros). A utilização destes modelos irá aumentar o número de parâmetros a serem estimados e os requerimentos computacionais.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

3.1.1 Origem dos Dados

Os dados analisados foram provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Zebu – ABCZ, referente a animais da raça Tabapuã. O banco inicial contava com 8.211 registros de animais da região nordeste do Brasil. Entretanto, o banco utilizado nesta análise contou com 6.471 registros de animais provenientes do estado da Bahia, em virtude deste estado conter 97% dos registros do banco de dados inicial. As análises descritivas dos dados foram realizadas por meio dos procedimentos estatísticos do “Statistical Analysis System” – SAS 9.1 (2002), verificando restrições, limitações e a consistência das informações.

3.1.2 Edição dos Dados

Com o objetivo de analisar somente os pesos dos animais oriundos do estado da Bahia, foram considerados para análise de regressão aleatória 28.642 informações de pesagens do arquivo total, após a edição do banco de dados que contava inicialmente com 42.802 registros de pesos de animais da raça Tabapuã nascidos entre 1975 e 2001 e mensurados ao nascimento e, em média, a cada 90 dias, até 660 dias de idade.

Foram considerados nas análises, os animais com pai e mãe conhecidos, os grupos contemporâneos com mais de oito animais filhos de vacas com mais de dois anos de idade e intervalos de parto maior que nove meses, sob um sistema de criação extensivo exclusivamente a pasto. O grupo de contemporâneos (GC) foi composto por: sexo, mês de nascimento, ano de nascimento, mês da pesagem, ano de pesagem, fazenda e condição de criação. A condição de criação era representada pelos animais desmamados ou permaneceram mamando ou foram submetidos à amamentação artificial. As características estudadas foram os pesos às várias idades consideradas como medidas repetidas de um mesmo animal.

3.2. Métodos

3.2.1 Preparo do banco de dados

Tabela 1 – Estrutura do arquivo de dados

Análise dos dados	Números
Total de registros	28.643
Animais na matriz de parentesco	10.346
Animais com registros	6.471
Animais com 3 observações	1302
Animais com 4 observações	1199
Animais com 5 observações	1129
Animais com 6 observações	1335
Animais com 7 observações	1186
Animais com 8 observações	320
Touros	167
Vacas	3707
Grupos de contemporâneos	1473

Como a idade variou do nascimento até os 660 dias de idade e os animais foram pesados a cada 90 dias, o número de pesos de animais em cada dia de idade era bem reduzido no início das pesagens. Para aumentar o número de pesos de animais a cada idade e, assim, facilitar as avaliações dos dados, formou-se classes de idades. Entretanto, a idade inicial, ou seja, a primeira idade não foi considerada devido a grande variabilidade apresentada nos pesos dos animais a esta idade, portanto a idade inicial será a partir do quinto dia de vida, ou seja, primeira classe de idade. As idades seguintes foram formadas, tal como a inicial, a cada cinco dias até 560 dias, após esta idade as classes foram agrupadas a cada 10 dias de idade, até os 630 dias, e então se agrupou a última classe em 30 dias, ou seja, 660 dias de idade, obtendo-se uma distribuição mais homogênea entre classes de idades. O resultado foi a formação de um total de 118 classes de idades.

O modelo utilizado para analisar os dados de pesagens de animais da raça Tabapuã pela regressão aleatória foi o indicado como o mais adequado por Dias, (2004). Portanto, foram considerados os efeitos genéticos aditivos direto e materno, ambiente permanente de animal e ambiente permanente materno ajustados por polinômio cúbico, quártico, linear e quadrático, respectivamente, sendo o resíduo modelado por função de variância de ordem quártica.

O modelo geral pode ser representado por:

$$y_{ij} = EF + \sum_{m=0}^{k_b-1} b_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_M-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_C-1} \delta_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_Q-1} \rho_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

y_{ij}	= j ^{ésima} medida do i ^{ésimo} animal,
EF	= conjunto de efeitos fixos,
b_m	= m ^{ésimo} coeficiente de regressão do peso sobre a idade para a média da população (fixo),
$\alpha_{im}, \gamma_{im}, \delta_{im}, \rho_{im}$	= m ^{ésimo} coeficiente de regressão genético aditivo, genético materno e de ambiente permanente do animal e materno, respectivamente, para o i ^{ésimo} animal (aleatório),
k_b, k_A, k_M, k_C e k_Q	= ordem dos polinômios a serem ajustados,
t_{ij}	= j ^{ésima} idade do i ^{ésimo} animal,
$\phi_m(t_{ij})$	= m ^{ésima} função polinomial a ser avaliada para t_{ij} .
ε_{ij}	= erro aleatório

As estimativas de herdabilidade (h^2) e as correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre as pesagens foram estimadas pelo modelo de regressão aleatória, utilizando as funções de covariância modelada pelo polinômio ortogonal de Legendre, proposto por Kirkpatrick et al. (1990). Este modelo utilizou o algoritmo de busca AIREML (MEYER, 1997) através do método da máxima verossimilhança restrita pelo programa computacional DFREML 3.0 β (MEYER, 1998c).

Em notação matricial, o modelo acima pode ser descrito como:

$$Y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2\gamma + W_1\delta + W_2\lambda + \varepsilon, e$$

$$v \begin{bmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \delta \\ \lambda \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_m \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_c \otimes I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & K_q \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Onde:

Y é o vetor de observações;

β o vetor de efeitos fixos (incluindo F_{ij} e β_m);

α o vetor aleatório dos coeficientes genéticos aditivos diretos;

γ o vetor aleatório dos coeficientes genéticos aditivos maternos;

δ o vetor de coeficientes de ambiente permanente de animal;

λ o vetor de coeficiente de ambiente permanente materno;

X, Z_1, Z_2, W_1, W_2 são as matrizes de incidência correspondentes;

ε o vetor de resíduos;

K_a, K_m, K_c e K_q são as matrizes de variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente do animal e materno, respectivamente;

R é a matriz de variâncias residuais;

A é a matriz do numerador do coeficiente de parentesco aditivo;

I matriz identidade.

Para os modelos de regressão aleatória, utilizou-se a função dos polinômios ortogonais de Legendre (ϕ_k), representados da seguinte maneira:

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

onde:

a^* são as idades ajustadas para a amplitude em que o polinômio é definido $[+1$ a $-1]$, e $[]$ indica que os valores da fração são arredondados para baixo, assumindo o valor inteiro mais próximo.

Com relação ao resíduo este foi modelado como homogêneo ou heterogêneo, neste caso foi utilizada função de variância residual quártica. Mantendo a ordem das funções de covariância para os efeitos genéticos direto (K_A) e materno, (K_m), e ambiente permanente materno (K_q) e de animal (K_c) iguais a quatro (função de covariância cúbica).

A comparação entre os modelos foi realizada por meio dos critérios de informação Akaike (AIC) Bayesiano de Schwarz (BIC) que permitem a comparação de modelos não aninhados e penaliza modelos mais parametrizados, sendo o BIC o mais rigoroso, ou seja, o que favorece modelos mais parcimoniosos (WOLFINGER, 1993; NUNEZ-ANTÓN & ZIMMERMAN, 2000).

Os critérios e informação foram dados por:

$$\mathbf{AIC} = 2\log L + 2p$$

$$\mathbf{BIC} = 2\log L + p \log (N - r)$$

Onde: p é o número de parâmetros do modelo, N é o total de observações e r é o posto da matriz (matriz de incidência para os efeitos fixos). Valores menores de AIC e BIC indicam melhor ajuste do modelo.

Foi testado o modelo indicado por Dias (2004,) como ideal para ajustar funções polinomiais de bovinos da raça Tabapuã. A ordem do polinômio para cada efeito aleatório foi diminuída de acordo com as estimativas de variância

dos coeficientes de regressão aleatória e os autovalores relacionados, pois baixas estimativas de variância e autovalores muito pequenos indicam pouca variação do determinado coeficiente.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Medidas Descritivas

As análises descritivas sobre os dados estão inicialmente ilustradas na Figura 1, que apresenta o número de registros e as médias de pesos em kg as várias idades, onde se pode observar uma maior concentração de registros nas idades iniciais da vida dos animais. As médias dos pesos aumentaram linearmente desde o nascimento até os 660 dias de idade variando de 25 a 365 kg, respectivamente.

Já a Figuras 2 apresenta as médias e desvio-padrão em kg de acordo com as idades dos animais que também apresentam tendência de aumento com idade. Tanto as médias quanto os desvios-padrão aumentaram quase que linearmente com a idade do animal, apresentando uma diminuição da intensidade de crescimento após um ano de vida.

A Figura 3 representa o desvio-padrão em kg e o coeficiente de variação em percentagem, onde o coeficiente de variação apresentou-se constante até próximo à idade de um ano de vida tendendo a aumentar a variação entre as médias a partir desta idade, já o desvio-padrão apresentou nesta figura resultado semelhante a anterior. Todos os animais utilizados nesta análise foram pesados ao nascer (6.471), mas com intuito de se evitar problemas de escala, a média de peso e o número de registros para esta idade não foram apresentados.

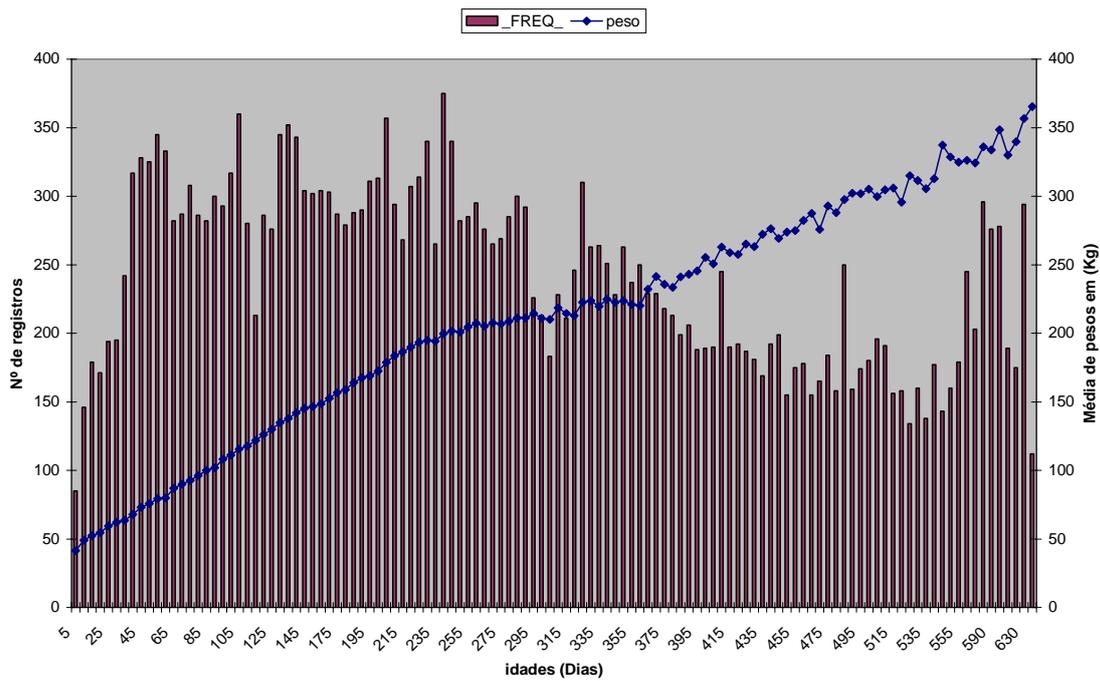


Figura 1 – Distribuição do número de registros (barras) em média de peso em kg (linha), de acordo com as idades em dias de animais da raça Tabapuã.

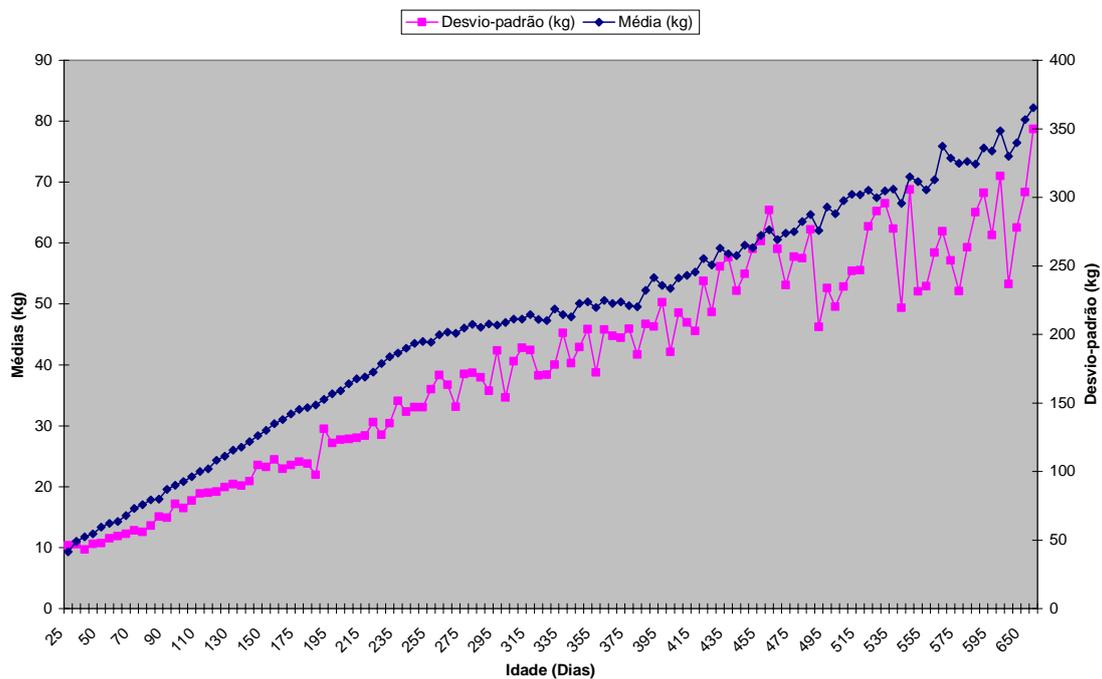


Figura 2 – Médias em kg (linha clara), e desvio padrão em kg (linha escura), de acordo com as idades em dias de animais da raça Tabapuã.

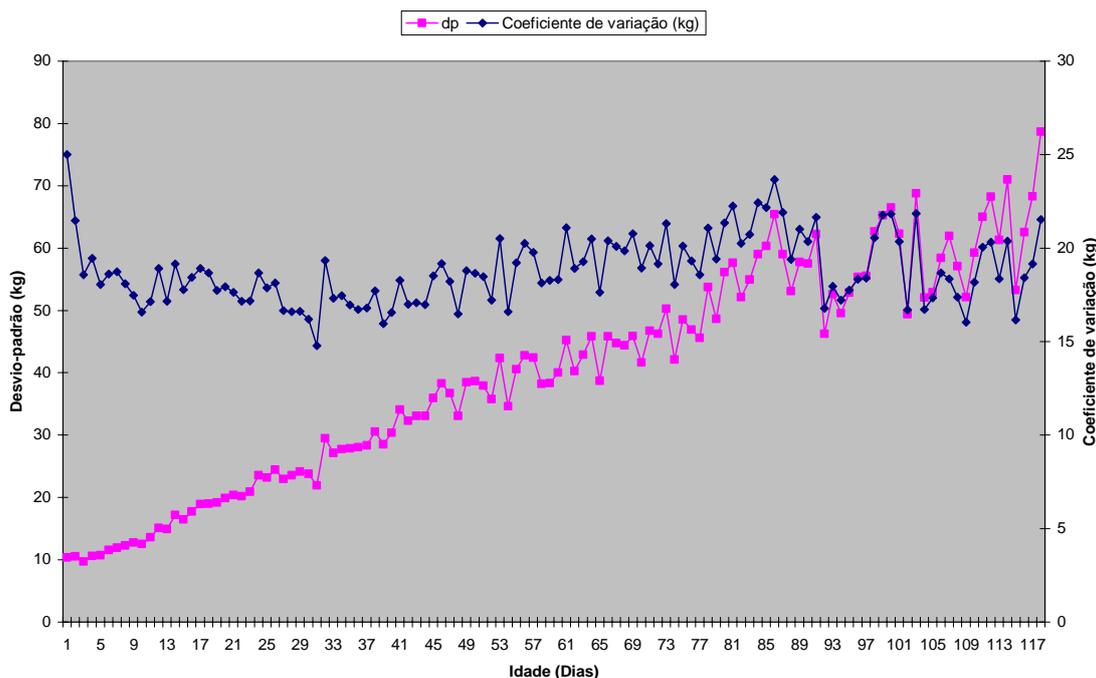


Figura 3 – Desvio-padrão em kg e coeficiente de variação em %, de acordo com as idades em dias dos animais da raça Tabapuã.

Realizadas as análises, todos os critérios estudados indicaram à necessidade de se considerar a heterogeneidade de variância, o aumento da ordem da função de variância residual de linear para quadrática resultou em um aumento significativo do Log L e na diminuição do AIC e BIC. O modelo utilizado foi $k= 4, 5, 2, 3$, para o efeito genético direto, efeito de ambiente permanente de animal e segundo efeito de animal (ambiente permanente materno e genético materno), respectivamente, com função de variância residual de ordem quártica (Tabela 2).

Tabela 2 – Ordem das funções de covariância, número de parâmetros (NP), valores dos critérios de informação BCI e AIC (-100.000) e valores de Log (+50.000) para o modelo testado de acordo com a estrutura dos resíduos homogêneos ou função de variância (linear, quadrática, cúbica, quártica e quártica).

Resíduo	K_A	K_{APA}	K_{APM}	K_{SM}	NP	BIC	AIC	Log L
FV ₅	4	5	2	3	44	29.558	29.525	-4485,35

Geralmente, espera-se que os modelos mais parcimoniosos apresentem menores valores do Log L, no entanto não foi o que se observou no estudo, provavelmente devido a problemas de convergência.

As correlações entre o intercepto e o coeficiente de regressão aleatória foram positivas para todos os efeitos. Fato semelhante foi descrito por Dias, (2004), onde a autora também obteve resultados semelhantes ao analisar dados de bovinos da raça Tabapuã e Meyer (2002) para dados de pesos do nascimento a 820 dias de idade para animais da raça Polled Hereford.

As correlações entre o intercepto e o coeficiente de regressão quadrática foram baixas e positivas para o efeito direto (0,28) e praticamente zero para o efeito de ambiente permanente de animal (0,016). Estes resultados estão de acordo com Albuquerque & Meyer (2001) para dados de pesos do nascimento aos 630 dias de idade de animais da raça Nelore.

4.2 Variâncias

As variâncias genética aditiva direta, de ambiente permanente de animal, variância fenotípica, genética materna e de ambiente permanente materno, estão apresentadas nas Figuras 4, 5, 6, 7 e 8, respectivamente.

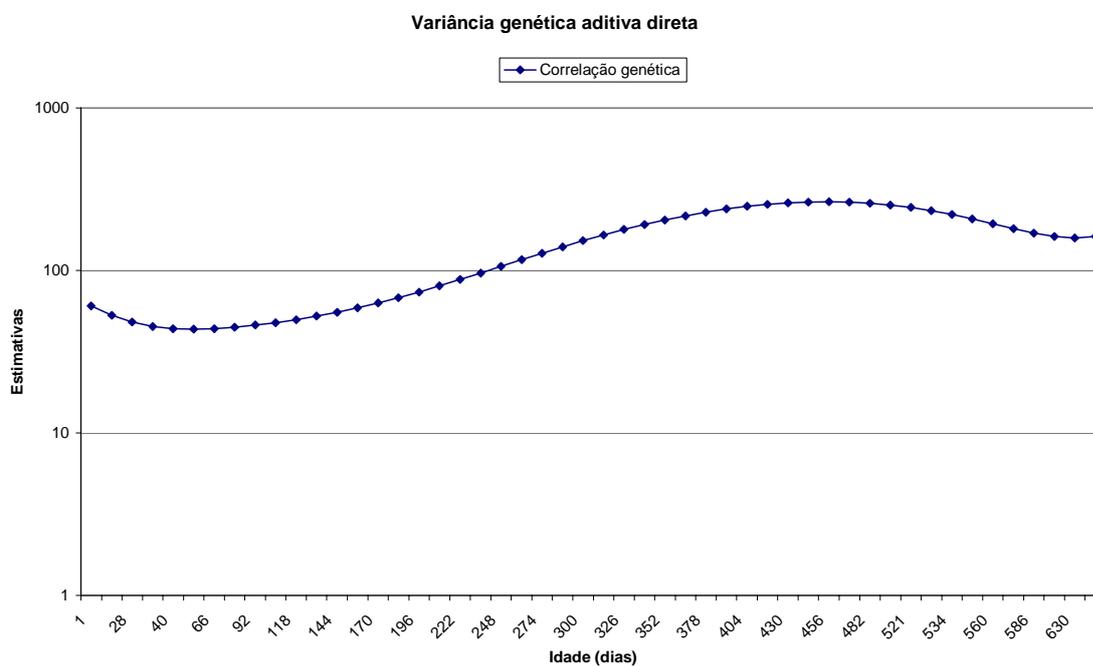


Figura 4 – Estimativa dos componentes de variância genética aditiva direta entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã.

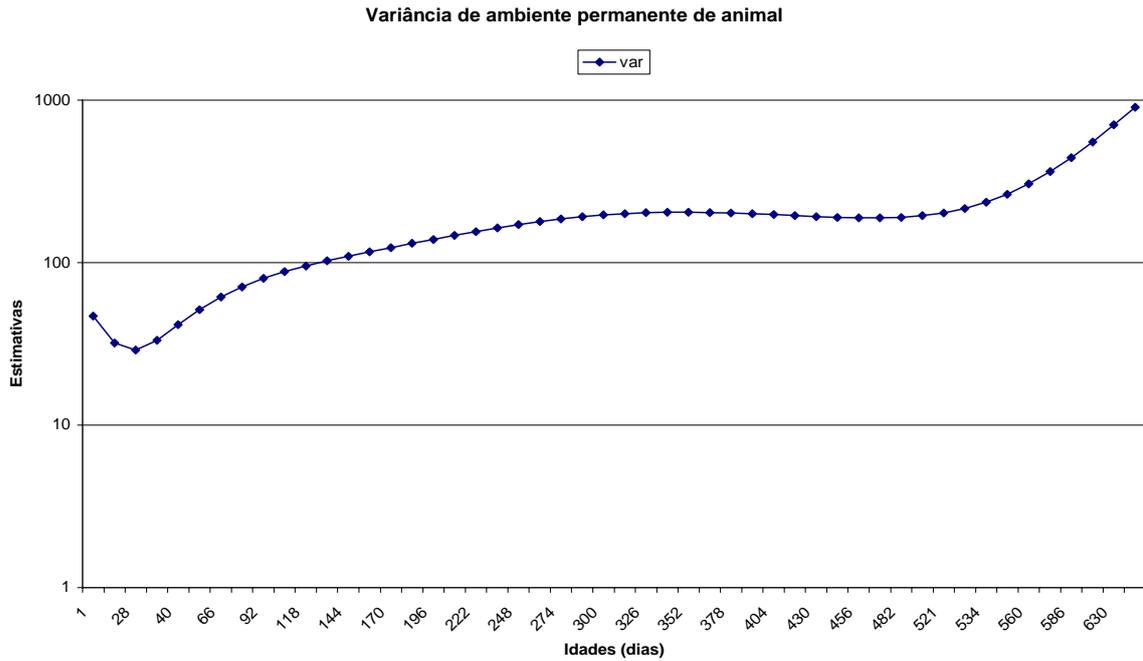


Figura 5 - Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente de animal entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã.

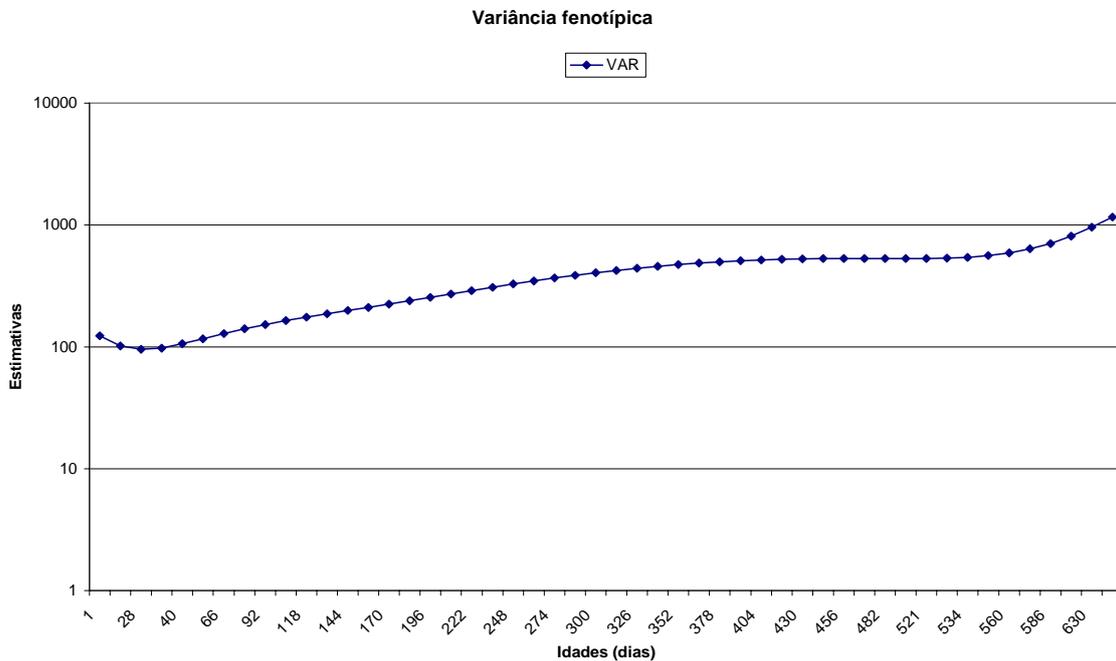


Figura 6 – Estimativa de componentes de variância fenotípica entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã.

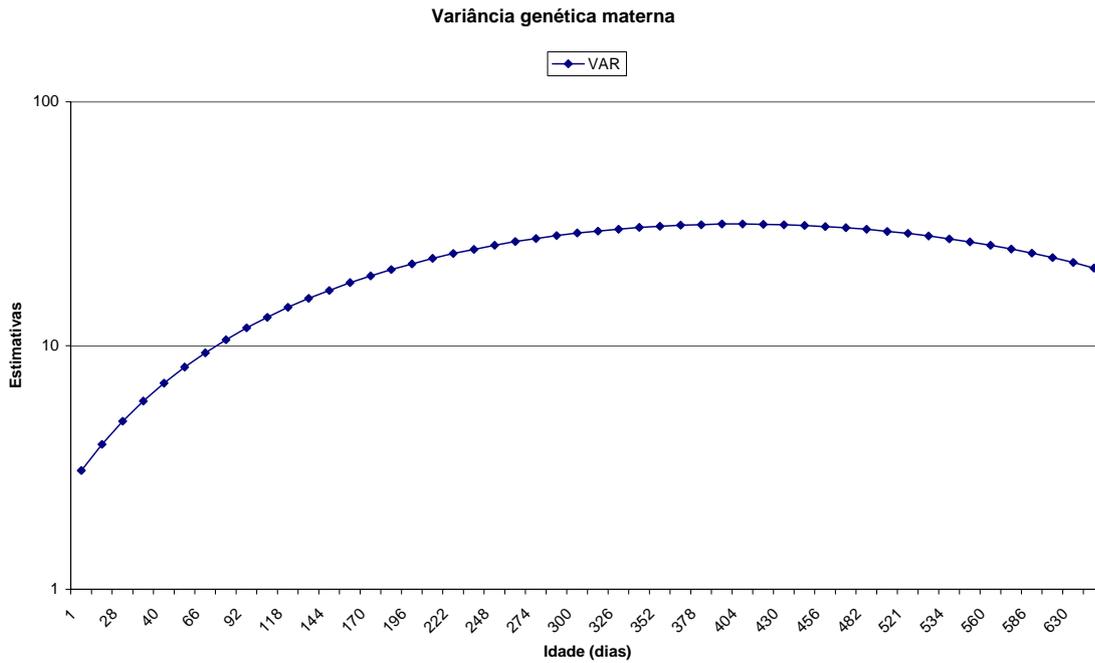


Figura 7 - Estimativa dos componentes de variância genética materna entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã.

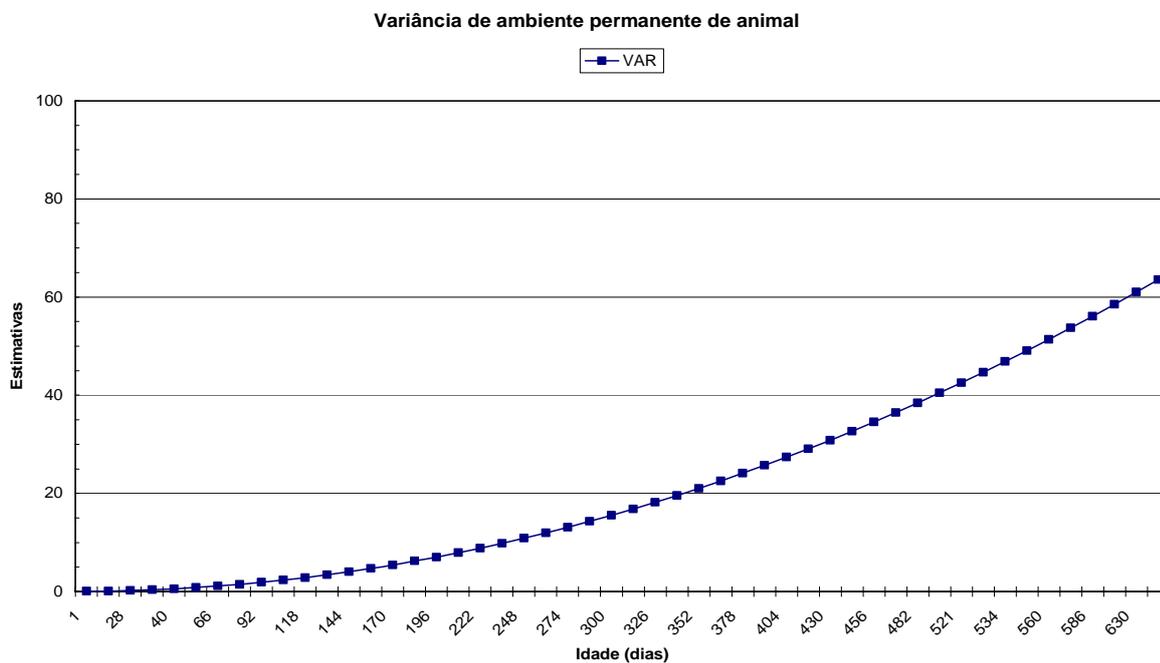


Figura 8 - Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente materno entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã.

As estimativas de variância genética aditiva direta obtidas aumentaram com a idade de 44 kg² a 52 kg² aos 79 dias de idade e 207 kg² a 264 kg² aos 550 dias de idade.

Esta mesma tendência, mas com magnitudes inferiores, foi descrita na literatura para animais da raça Nelore (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; CYRILLO, 2003; NOBRE et al., 2003;) e por Dias (2004) em análise de animais da raça Tabapuã.

Nas estimativas de ambiente permanente de animal, observou-se o aumento das estimativas de variância em função da idade, sendo mais acentuado aos 550 dias de idade ou na classe de número 107. Tendências semelhantes foram relatadas por Albuquerque & Meyer (2001), Cyrillo (2003) para animais da raça Nelore. Dias (2004) obteve um maior aumento das estimativas de variância em função da idade em animais da raça Tabapuã estudados até os 420 dias de idade. Este rápido aumento observado na variância de ambiente permanente de animal refletiu nas estimativas de variância fenotípica.

A divisão dos efeitos aleatórios em genético direto e efeito de ambiente permanente de animal nas análises de regressão aleatória em geral, exige ordens maiores dos polinômios para esses efeitos o que pode resultar em problemas de modelagem. Diversos trabalhos na literatura têm mostrado que para modelagem das mudanças nas variâncias de ambiente permanente de animal com a idade são necessários polinômios de altas ordens, o que levará ao aumento do número de parâmetros do modelo e dos requerimentos computacionais (BROTHERSTONE et al., 2000 e MEYER, 2001).

As estimativas de variância de ambiente permanente de animal, como proporção à variância fenotípica total, aumentaram levemente do nascimento (0,31) até 50 dias de idade (0,51), e após esta idade, mantendo-se esta tendência até os 660 dias. Meyer (2001) verificou tendência de aumento nas estimativas de variância de ambiente permanente de animal, como proporção da variância fenotípica total, com a idade para animais da raça Polled Hereford. No mesmo trabalho, para animais da raça Wokalup, o autor observou comportamento diferente das estimativas, aumentaram rapidamente do nascimento até a desmama, tendendo a diminuir com a idade. Os resultados obtidos no presente trabalho são semelhantes aos obtidos por Albuquerque & Meyer (2001) que também obtiveram rápido aumento da variância de ambiente permanente de animal do nascimento aos 50 dias de idade e leve tendência de diminuição nas demais idades, diferindo do presente trabalho após os 550 dias de idade, pois este apresenta logo após a leve tendência de queda um crescimento à medida que aumenta a idade dos animais.

As estimativas de variância genética materna aumentaram do nascimento ($4,0 \text{ kg}^2$) até próximo à época da desmama. Em seguida foi diminuindo atingindo ($26,6 \text{ kg}^2$) aos 550 dias de idade (figura 7). Comportamento semelhante foi descrito na literatura por Albuquerque & Meyer (2001) e Nobre et al (2003) para bovinos da raça Nelore e Dias (2004) na raça Tabapuã.

Com relação ao comportamento das estimativas de ambiente permanente de materno obtidas nesta análise, estas apresentaram aumento progressivamente do nascimento ($0,05 \text{ kg}^2$) até os 660 dias de idade ($63,5 \text{ kg}^2$). Estimativas semelhantes foram relatadas por Dias (2004).

Estimativas de variância de ambiente permanente materno, como proporção da variância fenotípica total, obtidas por regressão aleatória, apresentaram um leve aumento com o passar da idade dos animais. Segundo Meyer (1992), a seleção dos efeitos maternos em genético e de ambiente permanente não é simples, principalmente com dados não experimentais, existindo a possibilidade de considerar apenas um dos efeitos maternos nos procedimentos de análises. As estimativas obtidas partindo de (0,05) ao nascimento e atingindo (0,08) os 60 dias de idade e, as estimativas aumentaram até 660 dias idade. Meyer (2001) verificou semelhante tendência nas estimativas de ambiente permanente materno.

4.3. Estimativa de Herdabilidade

As herdabilidades para o efeito aditivo direto estimado nesta análise, estão apresentadas na Figura 9 que mostra o decréscimo da herdabilidade do nascimento até a desmama (0,48) até (0,27) por volta da classe 43 ou 220 dias de idade e após esta idade apresentaram tendência de aumento e logo após decresce atingindo (0,14) na classe de número 118 ou aos 660 dias de idade.

Meyer (1999b e 2001) descreveu diminuição das estimativas de herdabilidade direta após o nascimento e aumento das estimativas após o período da desmama para pesos de gado de corte na Austrália, com exceção do período dos 500 aos 660 dias de idade em que a herdabilidade genética direta apresentou uma tendência de queda similar aos resultados encontrados neste trabalho.

Herdabilidade direta

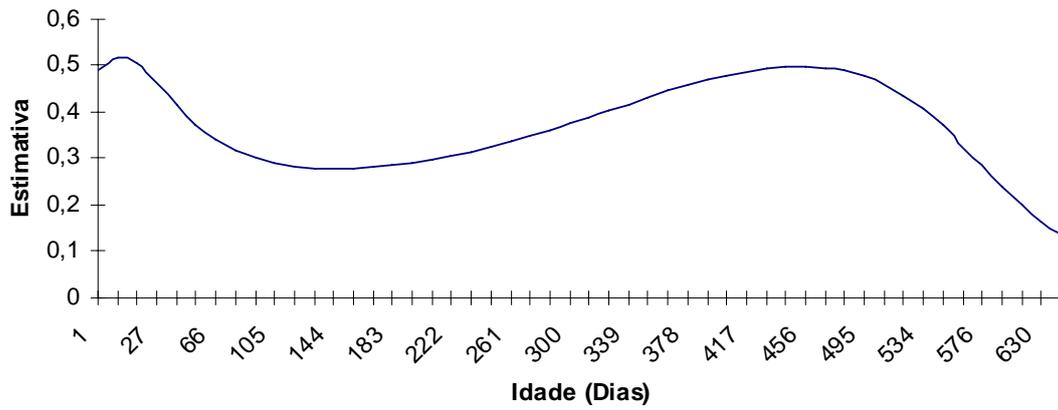


Figura 9 – Estimativa de herdabilidade direta de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã.

Herdabilidade materna

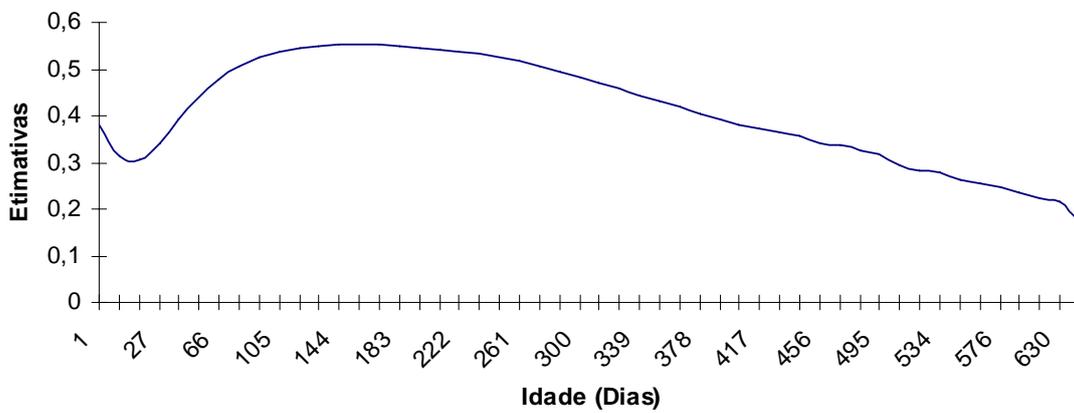


Figura 10 – Estimativa de herdabilidade materna de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã.

Resultados apresentados neste trabalho foram diferentes aos encontrados por Albuquerque & Meyer (2001) para peso do nascimento aos 630 dias de idade em animais da raça Nelore, pois estes apresentaram tendência de crescimento à medida que aumentava a idade dos animais. Dias (2004) também descreveu diminuição das estimativas de herdabilidade após o nascimento e aumento das estimativas após o período de desmame para peso de bovinos da raça Tabapuã. Os resultados deste trabalho, no entanto, se assemelham aos resultados apresentados por Sakaguti (2000) para bovinos da raça Tabapuã, que obteve 0,34 para peso aos 365 e 536 dias de idade. Cyrillo (2003) encontrou valores de herdabilidade de magnitude inferior aos encontrados nesta análise para peso ao nascimento (0,09), no entanto, observou redução nas estimativas de herdabilidade direta dos 35 dias (0,44) aos 210 dias de idade (0,22), voltando a aumentar até 378 dias de idade (0,40), para animais da raça Nelore. Nobre et al. (2003) estimaram herdabilidades para efeitos diretos menores que os encontrados na literatura, mas de proporção inferiores aos encontradas nesta análise, variando de 0,14 ao nascimento a 0,27 (683 dias de idade) para bovinos da raça Nelore.

As estimativas de herdabilidade materna apresentaram aumento do nascimento (0,38) até a desmama (0,50) em torno de 220 dias de idade decrescendo nas idades seguintes até (0,17) aos 660 dias de idade. As maiores estimativas de herdabilidade materna coincidiram com o período em que as herdabilidades diretas apresentaram estimativas inferiores até os 500 dias de idade, período este que a herdabilidade do efeito direto apresentou uma tendência de queda, talvez devido à convergência não totalmente alcançada para o modelo proposto. Os resultados obtidos no presente trabalho

foram semelhantes aos encontrados por Meyer (1999b), Albuquerque & Meyer (2001) e Dias (2004). Mercadante et al. (1995), descrevendo médias de estimativas de herdabilidade materna para peso ao nascer, a desmama, 365 dias e 550 dias de idade obtiveram 0,12; 0,18; 0,16; 0,05, respectivamente.

Os resultados obtidos nesta análise mostraram que os efeitos maternos começam a diminuir antes do período da desmama. Tendência semelhante foi relatada por Albuquerque & Meyer (2001) para animais da raça Nelore. Maior resposta à seleção para habilidade materna pode ser obtida se a seleção for realizada com base nos pesos do período pré-desmama, pois neste período, as estimativas de variância genética materna e herdabilidade são altas e maiores, respectivamente.

Consequentemente, seleção para habilidade materna poderá resultar em fêmeas com maior potencial genético para produção de leite.

Com os resultados deste trabalho podemos observar que a seleção para peso será mais eficiente quanto mais próximo dos 500 dias for à idade do animal, pois é neste período que as estimativas de variância genética aditiva direta e de herdabilidade foram maiores possibilitando a melhor identificação de animais geneticamente superiores.

4.4 Estimativas de Correlação

As correlações genética direta, fenotípica, ambiente permanente de animal, genética materna e de ambiente permanente materno entre os pesos as várias classes de idades estudadas para o modelo com $K= 4, 5, 2, 3$ estão presentes nas figuras 11, 12, 13, 14 e 15, respectivamente.

De maneira geral, as correlações fenotípicas apresentaram diminuição conforme o distanciamento das idades. As correlações entre todas as idades e o peso ao nascimento foram baixas do nascimento até os 190 dias ou classe de número 37, no entanto apresentou diferenças com o aumento das idades, sendo 0,75; 0,73; 0,60, entre o peso ao nascer e 250 dias, aos 365 dias e aos 660 dias de idade que correspondem às classes de números 49, 72 e 118 respectivamente. Segundo Albuquerque & Meyer (2001) e Cyrillo (2003), para animais da raça Nelore, a estimativa das correlações entre os pesos nas idades padrão 240, 365 e 550 dias de idade, foram maiores chegando a 0,95 entre 240 e 365 dias de idade, 0,54 entre 240 e 550 dias de idade e 0,66 entre 365 e 550 dias de idade.

As estimativas de correlação genética aditiva direta entre o peso ao nascimento e as demais idades foram, em geral, crescentes até em torno das classes 45 a 49 e diminuíram com o aumento da distância entre as idades. Às correlações entre o peso ao nascer e as idades padrão foram moderadas, sendo 0,45; 0,38 e 0,35 entre peso ao nascer e peso a desmama e 365 a 660 dias de idade, respectivamente.

O mesmo foi verificado por Dias (2004), Meyer (1994) e Robinson (1996) que encontraram correlações moderadas entre o peso ao nascer e idades mais

tardias, variando de 0,52 a 0,59 e 0,44 a 0,67, respectivamente. Os resultados obtidos neste trabalho estão de acordo com os resultados obtidos por (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001 e NOBRE et al., 2003) em trabalhos com animais da raça Nelore.

A seleção para peso pode ser mais eficiente com base nos pesos após a desmama. No entanto quanto mais tarde à seleção for realizada maior será a correlação com o peso adulto (DIAS, 2004; BARBOSA, 1988; OLIVEIRA, 1995) e animais com pesos adultos maiores, geralmente não são desejados.

As estimativas de correlação genética materna entre o peso ao nascer e as idades padrão foram altas: 0,95; 0,88 e 0,94 entre o peso ao nascimento e aos 240, 365 e 550 dias de idade, respectivamente. As correlações regrediram com o aumento da idade até por volta dos 250 dias de idade tendendo a aumentar a partir deste ponto até os 660 dias de idade como mostra a figura 14. Entre os pesos aos 240 dias de idade 365 e 550 dias de idade, respectivamente e entre os pesos os pesos aos 365 e 550 dias de idade a correlação foi de 0,94. Estes resultados sugerem que os efeitos maternos nestas idades sejam controlados pelos mesmos genes. Eler et al. (1995) obtiveram estimativas baixas de correlação genética materna entre os pesos ao nascer e a desmama e entre peso ao desmama e ao sobreano 0,21 e 0,18, respectivamente, e estimativas mais altas 0,84 entre a desmama e um a ano de idade para animais da raça Nelore. Albuquerque & Meyer (2001) relataram valores baixos de correlação genética materna entre o peso ao nascimento e aos 240, 360 e 550 dias de idade (0,14; 0,05; 0,05, respectivamente) e correlações próximas à unidade entre as demais idades. Nobre et al. (2003) estimaram baixas correlações genéticas maternas entre o peso ao nascer e os

pesos próximos aos 60 dias de idade (0,20). Entretanto os autores obtiveram maiores estimativas de correlação (acima de 0,70) entre os pesos aos 243 e 601 dias de idade.

As correlações de ambiente permanente de animal foram baixas entre os pesos ao nascimento e nas idades padrão (desmame, ao ano e ao sobreano) que correspondem a 240 dias, 365 dias e 550 dias de idade, sendo 0,25; 0,26 e 0,09, respectivamente. Resultados semelhantes foram descritos por Albuquerque & Meyer (2001) que apresentaram baixas correlações de ambiente permanente de animal entre o peso ao nascer e o peso aos 630 dias de idade (0,10) para animais da raça Nelore. Os resultados citados por Cirylo (2003) apresentam altas correlações de ambiente permanente de animal, relatou estimativas entre os pesos ao nascer e aos 378 dias de idade de 0,99 para animais da raça Nelore. Com relação às idades padrão, as estimativas foram altas, chegando a 0,92 entre 240 e 365 e moderadas entre 240 e 550 dias (0,48) e entre 365 e 550 dias (0,66).

As correlações de ambiente permanente materno foram de moderadas a alta entre os pesos do início e do final do período estudado. As correlações estimadas entre o peso ao nascer e aos 240, 365 e 550 dias de idade foram respectivamente, 0,32; 0,54; 0,76. Após o período de desmama, observam-se valores altos de correlação, próximos a unidade, entre as idades subseqüentes. Os resultados obtidos neste trabalho foram superiores aos resultados encontrados por Dias (2004) que apresentou correlações entre os mesmos pesos de 0,32; 0,34 e 0,36, respectivamente. As estimativas de correlação entre o peso ao nascer e as demais idades foram inferiores às encontradas por Albuquerque & Meyer (2001) que relataram altas correlações de ambiente

permanente materno entre os pesos ao nascimento e aos 240, 360 e 550 dias de idade 0,84; 0,85; 0,95, respectivamente, para animais da raça Nelore. Os resultados do presente trabalho também diferem do encontrado por Cyrilo (2003) que estimou correlações de ambiente permanente materno igual à unidade para todas as idades entre o nascimento e 378 dias de idade para peso de machos da raça Nelore.

Segundo Dias (2004), as estimativas de parâmetros genéticos podem ser influenciadas pelo modelo de regressão adotado. A partição dos efeitos aleatórios separando os efeitos genéticos e de ambiente em direto e materno é essencial para modelar as mudanças que ocorrem de maneira adequada. A modelagem do resíduo e a ordem do ajuste dos polinômios podem interferir na estimação dos componentes de variância. Já foi considerado na literatura que considerar estruturas heterogêneas de variância residual é mais adequado para ajustar dados longitudinais. Assumir homogeneidade de variância significa que o ambiente temporário afeta igualmente todas as idades, o que nem sempre ocorre, além de que grande parte da variação residual pode contaminar a variância de ambiente permanente de animal (HUISMAN et al., 2002). Com relação à ordem de ajuste do polinômio alguns trabalhos mostraram que considerar altas ordens de ajuste aumenta a flexibilidade da curva, mas também aumentam os requerimentos computacionais, a dificuldade de convergência e os problemas amostrais (KIRKPATRIK et al., 1994; MEYER, 1998a).

O modelo utilizado no presente trabalho foi determinado por Dias (2004) como o mais adequado para animais da raça Tabapuã, considerando os efeitos genéticos aditivos direto e materno, ambiente permanente de animal, ambiente

permanente materno ajustados por polinômios cúbicos, quadráticos, quártico e linear, respectivamente, sendo o resíduo modelado por função de variância de ordem quártica.

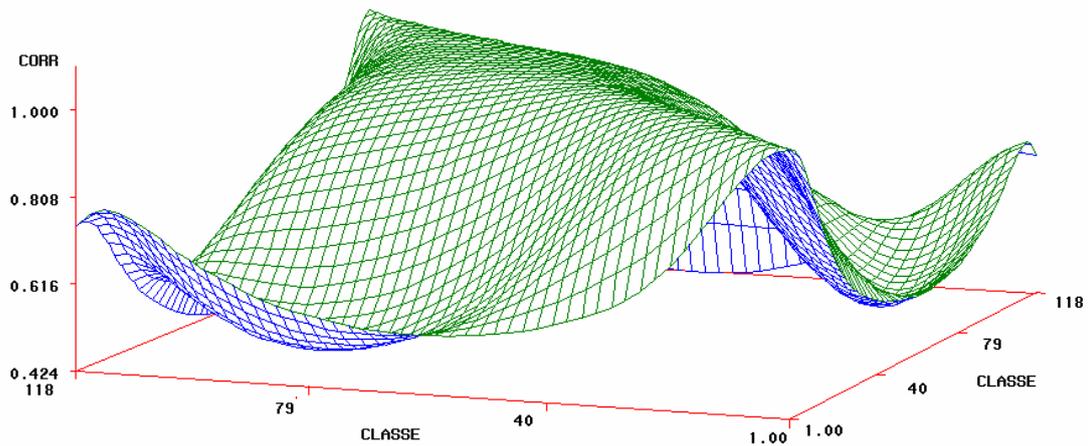


Figura 11 – Estimativa de correlação genética aditiva direta entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.

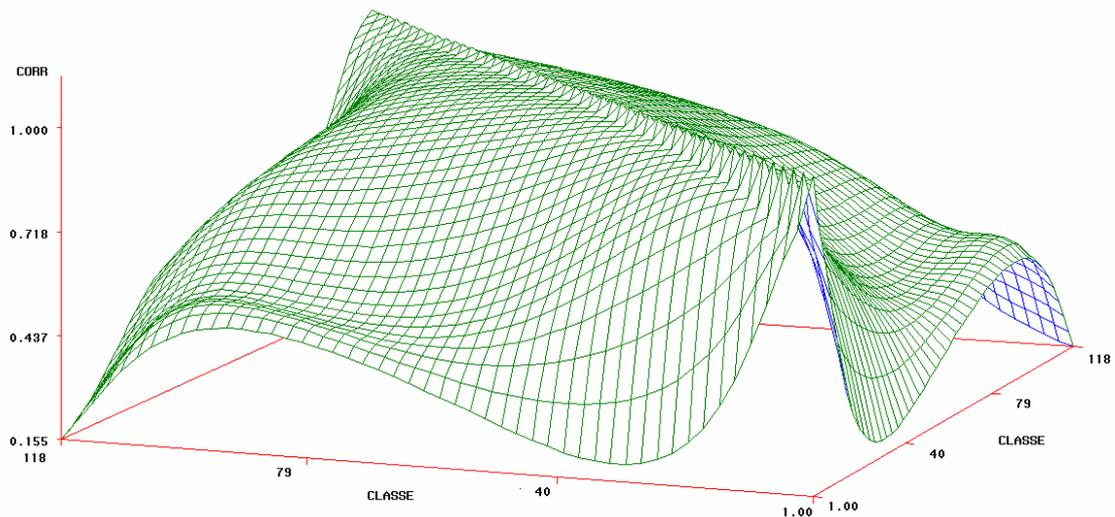


Figura 12 - Estimativa de correlação fenotípica entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.

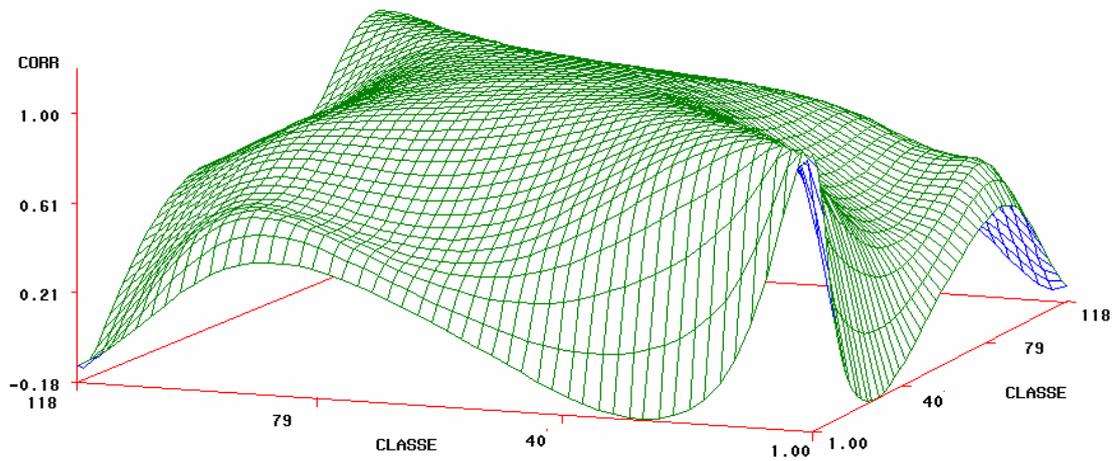


Figura 13 - Estimativa de correlação de ambiente permanente de animal entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.

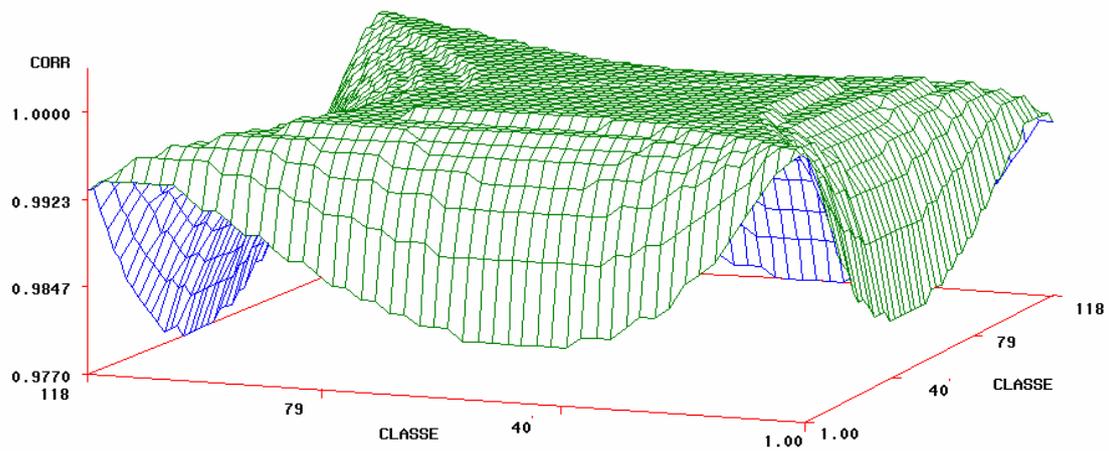


Figura 14 - Estimativa de correlação genética materna entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.

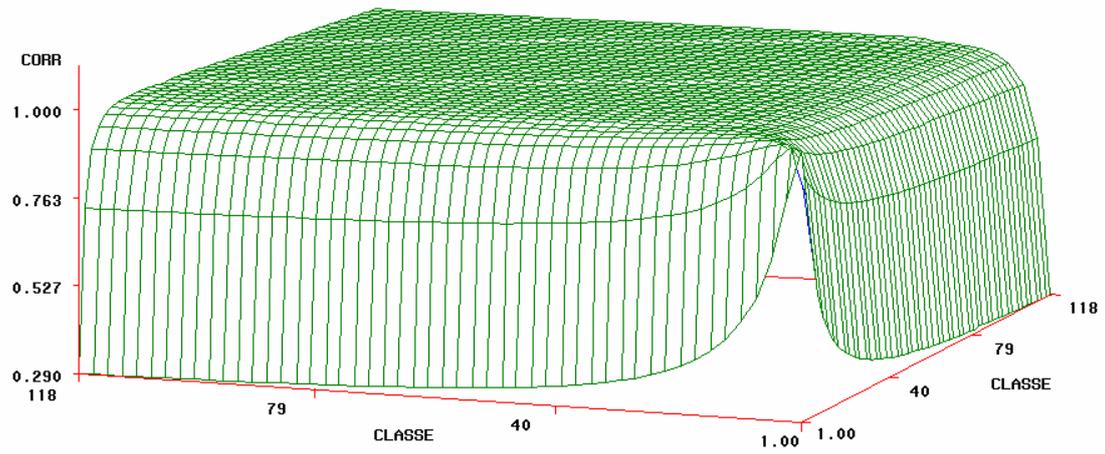


Figura 15 - Estimativa de correlação de ambiente permanente materno entre os pesos mensurados em diversas classes de idades de animais da raça Tabapuã.

5. CONCLUSÕES

O modelo de regressão aleatória utilizado nesta análise mostrou-se adequado para descrever as mudanças que ocorreram nas variâncias para a curva de crescimento de bovinos, do nascimento aos 660 dias de idade, da raça Tabapuã criados no estado da Bahia.

A seleção para peso será mais eficiente quanto mais avançada for à idade do animal, ou seja, no período pós-desmama, haja vista que as estimativas de variância genética aditiva direta e de herdabilidade foram maiores neste período, possibilitando a melhor identificação de animais geneticamente superiores.

A seleção baseada nos pesos pré-desmama poderá resultar em maior resposta para habilidade materna e, conseqüentemente, poderá haver aumento na produção de leite das fêmeas.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCT **Associação Brasileira dos Criadores de Tabapuã** – Melhoramento Genético da raça tabapuã: ABCZ, 2006. Disponível em: <<http://www.tabapuã.org.br/melhoramento>>. Acesso em: 20 Dez 2006.

AGRONEGÓCIO. In: **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**: Agricultura, 2007. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/dlpo>>. Acesso em: 18 Jan 2007.

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **J. Anim. Sci.**, v.79, p. 2776-2789, 2001.

ALBUQUERQUE, L. G. **Modelos de dimensão infinita aplicada a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 83f. Tese (Livre- Docente) Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP.

BARBOSA , P.F. **Análise genéto-quantitativa de características de crescimento e reprodução em fêmeas da raça Canchim**. Ribeirão Preto, 1988, 88p. Tese (Doutorado) – universidade de São Paulo – Faculdade de medicina de Ribeirão Preto 1988.

BROTHERSTONE, S; WHITE, I. M. S MEYER, K. Genetic modeling daily Milk yield using orthogonal polynomials and parametric curvs. **J. Anim. Sci.**, v. 70, p. 416-427, 2000.

CYRILO, J. N. S. G. **Estimativas de funções de covariância para o crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal, 2003, 72p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, 2003.

DIAS, L.T; ALBUQUERQUE, L.G; TONHATI, H. Estimacão de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista brasileira de zootecnia**, 2005.

DIAS, L.T. **Modelos de regressão aleatória para características de crescimento de bovinos da raça Tabapuã**. 2004. 59f. Tese (Doutorado em Zootecnia –Área de concentração em Produção animal). Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal, São Paulo.

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, p. 1104 – 1113, 2003.

ELER, J.P. VAN VLECK, L. D; FERRAZ, J. B. S; LÔBO, R.B. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits in Nelore Cattle. **J. Anim. Sci.**, v.73, p. 3253-3258, 1995.

EL FARO, L. **Estimação dos componentes de (co)variância para produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Caracu, aplicando-se “Test-Day Models” de dimensão finita e modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal, 2002, 102p. Tese de Doutorado apresentada à faculdade de Ciências agrárias e Veterinárias – UNESP, Campus de Jaboticabal, 2002.

FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J. H. J.; BANKS, R. G. et al. Description of Lamb growth using random regression on field data. **Livest. Prod. Sci.**, v. 89, p. 175 – 185, 2004.

HENDERSON JR, N. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, p. 623-640, 1982.

HENDERSON, N. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Univ. Guelph, Guelph, ON, Canada, p. 196 -206, 1984.

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

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holsteins. **J. Dairy Sci**. v. 80, p. 762 – 770, 1997.

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

KIRKPATRICK, M., HILL, W.G., THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and ageing, illustrated with lactation in dairy cattle. **Genetic. Res. Camb.**, v. 64, p. 57 – 69, 1994.

KIRKPATRICK, M; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **J. Math. Biol.**, 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.

KIRKPATRICK, M. LOFSVOLD, D., BULMER, M. Measuring selection and constraint in the evolution of growth. **Evolution**, v. 46, p. 954-971, 1992.

KOMINAKIS, A.; VOLANIS, M.; ROGDAKIS, E. Genetic modelling of test day records in sheep using orthogonal Legendre polynomials. **Small Rumin. Res.**, v. 39, p. 199 – 208, 2001.

KOOTS, K. R; GIBSON, J. P; SMITH, C; WILTON, J. W. Analyses of published genetic parameters estimates of beef production traits. 1. Heritability. **Anim. Breed. Abstr.**, v.62, p. 309-338, 1994a.

KOOTS, K. R; GIBSON, J. P; SMITH, C; WILTON, J. W. Analyses of published genetic parameters estimates of beef production traits. 2. Heritability. **Anim. Breed. Abstr.**, v.62, p. 309-338, 1994b.

LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Journal of Animal Science.**, v. 74, p. 63-70, 2002.

MELO, C. M. R. **Componentes de variância e valores genéticos para as produções de leite no dia do controle e da lactação na raça Holandesa com diferentes modelos estatísticos.** Piracicaba, 2003, 96p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2003.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B; REYES, A. de Los. Parámetros genéticos para características de crecimiento en cebuinos de carne. **Arch. Latinoam. Prod. Anim.**, v. 3, p. 45-89, 1995.

MEYER, K. Bias and sampling covariances of estimates of variance components due to maternal effects. **Genet. Sel. Evol.**, v. 24, p. 487-509, 1989a.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. **Livest. Prod. Sci.**, v. 38, p. 91-105, 1994.

MEYER, K. An average information restricted maximum likelihood algorithm for estimating reduced rank genetic covariance matrices or covariance functions for animal models with equal design matrices. **Genet. Sel. Evol.**, v. 29, p. 97-116, 1997.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genet. Sel. Evol.**, v. 30, p. 221-240, 1998a.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genet. Sel. Evol.**, v. 30, p. 221-240, 1998 b.

MEYER, K. A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: **6th. WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTIONS**, Armidale, 1998c.

MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. **J. Anim. Breed. Genet.**, v. 116, p. 181-203, 1999a.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef cattle. **50th annual Meeting of the European Association for Animal Production**, Zurich (Mimmo) 1999b.

MEYER, K. random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livest. Prod. Sci.**, 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. **Genet. Sel. Evol.**, v. 33, p. 1- 28, 2001.

MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of data. In: **7th. WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTIONS**, Montpellier, 2002.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livest. Prod. Sci.**, v. 86, p. 69 – 83, 2004.

NOBRE, P. R. C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science.**, v. 81, p.918 – 926, 2003.

NUÑEZ-ANTON, V; ZIMMERMAN, D. L. Modeling nonstationary longitudinal data. **Biometrics**, v. 56, 699-705, 2000.

OLIVEIRA, H. N. **Análise genético-quantitativo da curva de crescimento de fêmeas da raça Guzerá**. Ribeirão Preto, 1995, 73p. Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, 1995.

OLORI, V.E. **Utilization of daily milk records in genetic evaluation of dairy cattle**. Edinburgh: 1997. Thesis (PHD) – University of Edinburgh.

OLORI, V.E; HILL, W. G; McGUIRK, B.J; BROTHERSTONE, S. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with random regression animal model. **Livest. Prod, Sci.**, v. 61, p. 53-63, 1999.

ROBINSON, D, L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livest. Prod. Sci.**, v. 45, p. 1-11, 1996.

SAKAGUTI, E. S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. 2000. 81f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

SHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J. C. M. Random regression in animal model for test-day production in dairy cattle. In: **WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 5, 1994, Guelph, Proceedings... Guelph, 1994, v, 17, p. 443 - 446.

SILVA, L. C. L. **Estimativa de herdabilidade e de tendências genéticas para as características peso aos 205, 365 e 550 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã na região nordeste do Brasil.** Fortaleza, 2004, 72p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Ceará.

SILVA, M. A; SARMENTO, J. L. R; TORRES, R. A; VENTURA, R. V. **Manual de utilização do programa DFREML – Máxima Verosimilhança Restrita Livre de Derivadas.** Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora, 2006.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS, (1999). User's Guide: Statistics. Version 9.0, NC; SAS INSTITUTE, 2002.

THOMPSON, R; HILL, W.G. Univariate REML analyses for multivariate data with the animal model. In: **4th. WORLD CONGRESSO ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, Edinburgh, v. XIII, p. 484-487, 1990.

URIBE, H.; SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J. J. et al. Genetic evaluation of dairycattle for conformation traits using random regression models. **J. Anim. Breed.Genet.**, v. 117, p. 247-259, 2000.

VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M. E.; MEYER, K. the use of covariance functions and random regression for genetics evaluation of milk production based on test day records. **J. Dairy Sci.**, v. 81, p. 3300 – 3308. 1998.

WOLFINGER, R. D. Covariance structure in general mixed models. **Commun.Stat.**, v. 22B, p. 1079-1106, 1993.