

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL TROPICAL**

**Estimação de componentes de (co)variância para características de crescimento em bovinos da raça Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória**

**LEONARDO DE SOUSA PEREIRA**

**ARAGUAÍNA-TO**  
**2014**

**LEONARDO DE SOUSA PEREIRA**

**Estimação de componentes de (co)variância para características de crescimento em bovinos da raça Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória**

**Orientador: Prof. Dr. Emerson Alexandrino**

**Co-orientador: Prof. Dr. Jorge Luís Ferreira**

**Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal Tropical, da Universidade Federal do Tocantins, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal Tropical.**

**Área de Concentração: Produção Animal**

**ARAGUAÍNA-TO**

**2014**

Dados Internacionais de Catalogação  
Biblioteca UFT - EMZV

---

P436e Pereira, Leonardo de Sousa  
Estimação de componentes de (co)variância para características de crescimento em bovinos da raça Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória/ Leonardo de Sousa Pereira -- Araguaína: [s.n.], 2014.  
51 f. : Il.

Orientador: Prof. Dr. Emerson Alexandrino

Dissertação (Mestrado em Ciência Animal Tropical) - Universidade Federal do Tocantins, 2014.

1. Melhoramento Genético Animal. 2. Bovinos - Nelore. 3. Polinômio de Legendre. 4. Produção Animal. 5. Curva de Crescimento. I. Título

CDD 636.082

---

**ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA PARA  
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE  
CRIADOS NA REGIÃO DO TRÓPICO ÚMIDO DO BRASIL POR MEIO DE  
REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Por

**LEONARDO DE SOUSA PEREIRA**

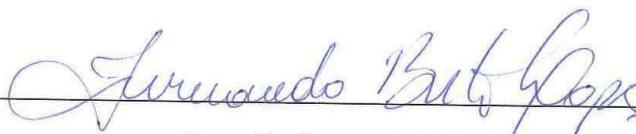
Dissertação aprovada como requisito parcial  
para a obtenção do título de Mestre, tendo  
sido julgado pela Banca Examinadora  
formada pelos professores:



**Prof. Dr. Emerson Alexandrino - Orientador**  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS



**Prof. Dr. Jorge Luís Ferreira**  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS



**Pesq. Dr. Fernando Brito Lopes**  
EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA-  
EMBRAPA- CERRADOS

ARAGUAÍNA-TO, 07 DE MARÇO DE 2014.

## **DEDICO**

Aos meus pais Cicero e Brasilina, a meu irmão André, que me apoiaram em todos os momentos para pudesse conseguir chegar até aqui; à minha namorada Mariane Santos pela compreensão e amor; e aos meus amigos.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço a **Deus** primeiramente, que graças a ele tive forças para seguir em frente sempre e conseguir vencer todos os obstáculos que apareceram.

A **minha família** que de forma direta ou indireta me apoiou e tornou possível mais essa vitória na minha vida e dizer que sem eles eu não sou nada, em especial meus pais **Cicero Custodio Pereira e Brasilina de Sousa Pereira**, meu irmão **André de Sousa Pereira**.

A minha **namorada Dra. Mariane Santos** por me ajudar nos momentos difíceis dessa longa caminhada, suportar muitas vezes um mau humor, dores de cabeças e etc.

Ao **Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal Tropical** da Universidade Federal do Tocantins- UFT, pela oportunidade de realizar meu Mestrado.

A **CAPES** pela concessão de bolsa de estudos.

A **ANCP** (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores) pela concessão dos dados para realização das análises do presente trabalho.

Ao **Prof. Dr. Jorge Luís Ferreira** que foi de fundamental importância para realização do presente trabalho e ORIENTADOR do começo ao fim, dando sempre total apoio, eu sou tenho a dizer MUITO OBRIGADO. Prof. apesar de alguns dificuldades que aconteceram durante esses dois anos conseguimos terminar o trabalho com sucesso e que não pare por aqui!! Que deus te abençoe sempre. Prof. como é dito no Piauí: vamos fazer um churrasco de 30 minuto de bode o que acha?! Será que vai dá?!

Ao **Prof. Dr. Emerson Alexandrino** por de última hora ter aceitado ser meu orientador.

Ao **Pesq. Dr. Fernando Brito Lopes** pela ajuda total durante todo o trabalho e considerações pertinentes ao mesmo.

Ao **prof. Dr. José Neuman** pelo incentivo desde a entrevista na seleção do mestrado, com perguntas bastante expressivas. Prof. como o grande mestre “Zagalo” diz: Vocês vão ter que me engolir!! E engoliram bem por sinal.

Aos meus **colegas de mestrado e amigos** por me apoiar, ajudar e estimular.

A um companheirão de mestrado e amigo que tive durante esses dois anos, **THAYMISSON SANTOS DE LIRA** vulgo “THOLAS”, obrigado pelas inúmeras vezes que me ajudou. Que deus ilumine seu caminho.

Aos **amigos e colegas** de Santa Maria- RS da UFSM, do LMA. A Prof. Dra. Dionéia, Prof.Dr. Paulo Rorato, Prof. Dra. Fernanda, Tiago, Prof. Dra.Priscila, Denise, Giovanni, Mestre Allan e Dr.Tomás, obrigado pela passagem de conhecimentos e experiências. E pelos ótimos churrascos.

**Eu sou tenho a dizer a todos que participaram de qualquer modo:**

**MUITO OBRIGADO!!!**

*“A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu, mas pensar o que ninguém ainda pensou sobre aquilo que todo mundo vê.”*

*Arthur Schopenhauer.*

*“A menos que modifiquemos a nossa maneira de pensar, não seremos capazes de resolver os problemas causados pela forma como nos acostumamos a ver o mundo”.*

*Albert Einstein.*

## SUMÁRIO

<b>RESUMO.....</b>	<b>12</b>
<b>Estimação de componentes de (co)variância para características de crescimento em bovinos da raça Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória .....</b>	<b>12</b>
<b>ABSTRACT.....</b>	<b>13</b>
<b>LISTA DE FIGURAS.....</b>	<b>14</b>
<b>LISTA DE TABELAS .....</b>	<b>15</b>
<b>LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS e Símbolos .....</b>	<b>16</b>
<b>CAPÍTULO I.....</b>	<b>18</b>
<b>1. INTRODUÇÃO .....</b>	<b>18</b>
<b>2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....</b>	<b>20</b>
<b>2.1. Modelos de regressão aleatória.....</b>	<b>20</b>
<b>2.2. Critério de comparação AIC, BIC, LOG(L), LRT e fator de BAYES .....</b>	<b>24</b>
<b>Referências.....</b>	<b>28</b>
<b>CAPÍTULO II.....</b>	<b>34</b>
<b>3. Estimação de componentes de (co)variâncias para características de crescimento em bovinos Nelore criados no Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória.....</b>	<b>34</b>
<b>Introdução.....</b>	<b>36</b>
<b>Material e Métodos .....</b>	<b>36</b>
<b>Resultados e Discussão .....</b>	<b>38</b>
<b>Conclusões.....</b>	<b>42</b>
<b>Referências.....</b>	<b>42</b>
<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS .....</b>	<b>53</b>

## RESUMO

### **Estimação de componentes de (co)variância para características de crescimento em bovinos da raça Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória**

Objetivou-se estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento por meio de modelos de regressão aleatória utilizando a condição de homogeneidade e heterogeneidade de variância residual. Foram utilizadas informações de animais do nascimento a idade adulta (nascidos entre 1993 e 2010) de bovinos da raça Nelore. Os dados foram cedidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), provenientes de animais criados na região do Trópico Úmido do Brasil, pertencentes aos estados do Mato Grosso, Pará, Rondônia e Tocantins. Utilizou-se 23.278 registros de pesagens. O modelo considerou como efeito fixo o grupo de contemporâneos, e como covariáveis a idade da vaca ao parto e a data do animal à pesagem, e como efeitos aleatórios os efeitos genéticos aditivos direto e maternal, e do ambiente permanente do animal e maternal. O resíduo foi modelado considerando sete classes de variâncias. Dezesesseis modelos de polinômios ortogonais de Legendre variando da primeira à sexta ordem foram utilizados para descrever os efeitos genéticos aditivos diretos e maternal, de ambiente permanente do animal e maternal. Os diferentes modelos foram comparados pelos testes dos critérios de informação de Akaike (AIC) e o Bayesiano de Schwarz (BIC). As estimativas de herdabilidade para o efeito genético direto se apresentaram crescentes dos 120 aos 450 dias de idade e tendo uma redução aos 550 dias de idade, observando-se valores de 0,23; 0,38; 0,52 e 0,43, respectivamente, sendo que, as estimativas de herdabilidades maternas foram baixas para todas as idades analisadas, variando de 0,01 a 0,08. As correlações genéticas foram de moderada a alta magnitude, e mantendo-se moderada mesmo com o aumento da distância entre as idades. A utilização de modelos que consideraram a heterogeneidade da variância residual mostraram-se mais precisos e acurados na estimação e predição dos componentes de (co)variâncias.

**Palavras-chave:** curva de crescimento, dados longitudinais, função de covariância, parâmetros genéticos, polinômio de Legendre

## ABSTRACT

### **Estimation the component of (co)variance for growth traits in Nelore cattle models from Humid tropic region of Brazil using random regression**

This study aimed to estimate (co)variance components and genetic parameters for growth traits using random regression models using the condition of homogeneity and heterogeneity of residual variance. Information of animals from birth to adulthood (born between 1993 and 2010) of Nelore cattle were used. The data were provided by the National Association of Breeders and Researchers (ANCP), from animals raised in the Humid Tropics of Brazil, belonging to the states of Mato Grosso, Pará, Rondônia and Tocantins. We used 23,278 records of weighings. The model as fixed effect of contemporary group, and as covariates age at calving (linear and quadratic effect) and the date the animal at weighing (linear and quadratic effect), and as random genetic additive direct and maternal effects and permanent environmental animal and maternal. The residue was modeled using seven classes of variances, grouped as follows: 1-56, 57-147, 148-218, 219-259, 260-301, 302-372 and 373-550 days of age, respectively. Considered orthogonal Legendre polynomial, cubic order on age weighing model, to model the mean curve of the population. Sixteen models of orthogonal Legendre polynomials ranging from first to sixth order were used to describe the additive genetic direct and maternal, permanent environmental and animal nursery. The different models were compared by the Akaike information criteria (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC). Heritability estimates for direct genetic effect is presented increasing from 120 to 450 days of age and were reduced to 550 days of age, observing values of 0.23, 0.38, 0.52 and 0.43, respectively, and the estimates of maternal heritability were low for all ages analyzed, ranging from 0.01 to 0.08. The genetic correlations were moderate to high magnitude, and remaining even with the moderate increase of the distance between the ages. The use of models that considered the heterogeneity of residual variance were more precise and accurate in the estimation and prediction of the (co) variance.

**Keywords** : covariance function, genetic parameters, growth curve, longitudinal data, polynomial Legendre

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1-** Número de observações e distribuição dos pesos médios por idade de bovinos da raça Nelore, criados na região do Trópico Úmido do Brasil.....42
- Figura 2-** Distribuição dos ganhos médios em peso, de bovinos da raça Nelore, criados na região do Trópico Úmido do Brasil.....42
- Figura 3-** Tendências das estimativas de Variância Genética Aditiva Direta (A), de Ambiente Permanente do Animal (B) e Variância Fenotípica (C) sob modelos com resíduo heterogêneo (M4364).....47
- Figura 4-** Tendências das estimativas de herdabilidades direta, sob modelos com resíduo homogêneo (M4465, Tabela 2) e heterogêneo (M4364, Tabela 3).....48
- Figura 5-** Estimativas de herdabilidade de variância genética maternal considerando homogeneidade (modelo M4465, Tabela 2) e heterogeneidade (M4364, Tabela 3) de variância residual, respectivamente.....48

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1-** Estrutura do arquivo de dados.....41
- Tabela 2-** Ordem dos polinômios para efeitos genéticos direto ( $k_a$ ) e materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente do animal ( $k_p$ ) e materno ( $k_c$ ), número de parâmetros (NP); logaritmo da função de verossimilhança (Log); critério de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos considerando homogeneidade de variância residual.... 43
- Tabela 3-** Ordem do polinômio para efeitos genéticos direto ( $k_a$ ) e materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente do animal ( $k_p$ ) e materno ( $k_c$ ), número de parâmetros (NP); logaritmo da função de verossimilhança (Log); critério de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos considerando heterogeneidade de variância residual.....44
- Tabela 4-** Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores ( $\lambda$ ) no modelo M4364 para os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente.....45
- Tabela 5-** Percentual de significância da ordem dos polinômios em relação aos efeitos aleatórios, nos modelos M4364 e M4253 sob enfoque de heterogeneidade de variância residual.....46
- Tabela 6-** Estimativas de variâncias (diagonal) e correlações (acima da diagonal) do modelo 4364 considerando heterogeneidade de variância residual.....47

## LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS e Símbolos

<b>ABIEC-</b>	Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes;
<b>AIC-</b>	Critério de Informação de Akaike;
<b>ANCP-</b>	Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores;
<b>BIC-</b>	Critério de Informação Bayesiano de Schwarz;
<b>FC-</b>	Função de covariância;
<b>GC-</b>	Grupo de Contemporâneos;
<b>Het.-</b>	Classes Heterogeneas;
<b>Heterog-</b>	Modelo de Heterogeneidade;
<b>Homog-</b>	Modelo de Homogeneidade;
<b>IBGE-</b>	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística;
<b>LOG(L)-</b>	Logaritmo da Função da Máxima Verossimilhança;
<b>LRT-</b>	Teste da Razão de Verossimilhança;
<b>MAT-</b>	Modelo Animal Tradicional;
<b>MR-</b>	Modelo de Repetibilidade;
<b>MRA-</b>	Modelo de Regressão Aleatória;
<b>NP-</b>	Número de parâmetros;
<b>&amp;-</b>	E;
<b>%-</b>	Por cento;
<b>k<sub>a</sub>-</b>	Constante de efeitos genéticos direto;
<b>k<sub>m</sub>-</b>	Constante de efeitos genéticos materno;
<b>k<sub>p</sub>-</b>	Constante de efeito de ambiente permanente do animal;
<b>k<sub>c</sub>-</b>	Constante de efeito de ambiente permanente maternal;
<b>Km<sup>2</sup>-</b>	Quilômetros quadrados;
<b>λ-</b>	Autovalores;
<b>N-</b>	Número total de observações;

- r-** Posto da matriz  $X$ ;
- X-** Matriz de incidência para os efeitos fixos.

## CAPÍTULO I

### 1. INTRODUÇÃO

Com base em dados dos últimos anos o Brasil conta com uma população de bovinos de cerca 212,8 milhões de cabeças segundo dados do IBGE, em que aproximadamente 80% desse total sejam compostos por animais zebuínos, dos quais 90% são animais da raça Nelore e Anelorados (ABIEC, 2013; IBGE, 2012). Essa grande predominância da raça Nelore no país é devido principalmente a sua capacidade de adaptação às condições tropicais do território brasileiro.

O sistema de produção de bovinos de corte no Brasil é basicamente a pasto, sendo que o país ocupa em torno de 20% do total de seu território com pastagens (ABIEC, 2011). Apresentam ambientes e sistemas de produção bastante heterogêneos, o que de certa forma favorece aos baixos índices de produtividade do sistema pecuário (FERRAZ; FELÍCIO, 2010).

As inovações tecnológicas aplicadas à pecuária, hoje os sistemas de produção estão cada vez mais rentáveis e produtivos, seja através do uso das biotecnologias reprodutivas, de manejo, alimentação e de programas de melhoramento genético.

Analisando as avaliações genéticas tradicionais, como modelos multicaracterísticas, observa-se que a coleta de informações geralmente é realizada em idades padronizadas durante a vida do animal, ou seja, aos 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade. Na realidade, neste sistema, as pesagens não coincidem exatamente com as idades pontuais e por isso são realizados ajustes dos pesos reais para as idades mais próximas do padrão. Normalmente os ajustes são feitos apenas para as medidas e não para as variâncias, o que resulta em diminuição da acurácia nas predições dos valores genéticos do rebanho.

Como alternativa as metodologias tradicionais surgiu os modelos de regressão aleatória como opção, já que o mesmo proporciona melhores estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos e conseqüentemente uma avaliação genética com maior acurácia. Devido, os modelos de regressão aleatória proporcionam predição dos valores genéticos para qualquer ponto dentro do

intervalo tomado, além de permitir a estimação de curvas de crescimento individuais para cada animal e assim, admitirem uma melhor utilização das informações, sendo que todas as medidas do animal e seus parentes são utilizados para a sua avaliação, com conseqüente aumento da acurácia para seleção do rebanho (DIONELLO et al., 2008).

Dessa forma, considerando que a pouca informação científica sobre estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento de bovinos da raça Nelore criados na região Norte e Tropicó Úmido do Brasil, e verificando que a maioria dos trabalhos basearam-se em metodologias com idades-padrão em modelos multicaracterísticos, objetivou-se no presente trabalho estimar componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos de características de crescimento de bovinos da raça Nelore criados na região do Tropicó Úmido do Brasil por meio de modelos de regressão aleatória utilizando a condição de homogeneidade e heterogeneidade de variância residual.

Para melhor compreensão deste material, a presente dissertação foi dividida em dois capítulos, em que o primeiro capítulo está composto pela revisão de literatura e o segundo capítulo por um artigo científico.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1. Modelos de regressão aleatória

Os modelos ordinários e de dimensão infinita conhecidos como modelos de regressão aleatória (MRA), foram apresentados de forma pioneira por Henderson Jr. (1982), na área do melhoramento animal.

Os autores Ptak e Schaeffer em 1993 apresentaram o primeiro modelo de avaliação apropriado à leitura da produção de leite no dia do controle também chamado de “Test Day Model”, mas somente em 1994, Schaeffer e Dekkers realizaram o que Henderson Jr. propôs anteriormente, utilizando a regressão aleatória na avaliação genética de produção de leite no dia do controle de bovinos leiteiros.

Através do uso dos MRAs foi observado que esses modelos se tornaram mais eficientes que as demais metodologias tradicionais como o Modelo de Repetibilidade (MR) e o Modelo Animal Tradicional (MAT), pois possibilitavam a utilização de registros de produção de um dado animal ao longo de sua vida, obtendo-se diferentes correlações genéticas entre esses registros. Com isso, os MRAs estão sendo utilizados como uma opção de modelagem para medidas repetidas, como por exemplo, a produção de leite ou dados de pesos e idades, sendo esses tipos de características repetidas definida como dados longitudinais (JAMROZIK et al., 1997).

De acordo com Sakaguti (2000), os Modelos de Repetibilidade por considerarem os pesos em bovinos em diferentes idades como uma medida repetida, são favoráveis a ocorrência de um viés nas estimativas dos parâmetros genéticos, devido, o modelo admitir que as variâncias, genéticas e não-genéticas são lineares ao longo do período estudado, o que não é sustentável com os estudos de crescimento.

Outro ponto relevante é que os MATs possuem dois erros incluídos nas suas estimações, pois o mesmo possui erro atribuído à coleta das pesagens e bem como o erro adicional quando utiliza a padronização das idades, com isso aumenta-se o viés nas estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos com consequente diminuição da acurácia. E os MRAs possui apenas o erro atribuído à

coleta das informações, já que o mesmo trabalho com pesos reais, tornando suas estimativas para avaliação genética mais confiável.

O uso dos MRAs tem permitido o melhor aproveitamento dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas na avaliação do mesmo, com virtual aumento da acurácia de seleção (ALBUQUERQUE, 2003; MEYER; DIAS et al., 2006; VALENTE et al., 2008). Sendo obtida uma trajetória média da população e a curva genética de cada animal é predita como um desvio dessa curva média.

Segundo análise realizada por Nobre et al. (2003), que avaliando dados de características de crescimento de animais da raça Nelore, utilizando dois modelos diferentes MATs e MRAs, verificaram diferenças na estimação dos componentes de variância nos dois tipos de análise e concluíram que o MRA propiciou um melhor ajuste aos dados que o modelo MAT.

De acordo com Boligon et al. (2011), que trabalharam com pesos de animais da raça Nelore até idade adulta, comparando dois tipos de modelagem (MAT e MRAs), concluíram que os MRA podem fornecer estimativas de valores genéticos mais precisas do que os modelos tradicionais (MAT), permitindo assim maiores ganhos genéticos. Os mesmo autores sugeriram que a melhor modelagem dos MRAs para todas as idades, inclusive naquelas idades em que há poucos registros de pesos. Da mesma forma, ressaltaram que existe uma similaridade nas estimativas quando o número de registros era maior, principalmente nas idades padrão.

Meyer (2004) trabalhando com simulação de dados de crescimento de bovinos de corte, observou que os modelos de regressão aleatória proporcionaram uma maior acurácia, medida pela correlação dos valores estimados com os simulados, de 5,7% a 8,3% superiores que o apresentado pelo modelo animal tradicional. Tal fato foi mais bem explicado devido melhor modelagem das variâncias e dos parâmetros genéticos, proporcionado pelos modelos de regressão aleatória.

Estes modelos (MRAs) vêm sendo atualmente utilizados em alta escala nas pesquisas científicas no setor de bovino de corte com a finalidade de avaliar características de crescimento e no intuito de estimar suas variâncias e covariâncias ao longo da vida dos animais (dados longitudinais) de forma mais precisa

(ALBUQUERQUE; MEYER, 2001; BALDI et al., 2010; BOLIGON et al., 2011; MEYER, 2005).

Para que os MRAs sejam aplicados em escala, Van Der Werf e Schaeffer, (1997) ressaltaram que os dados longitudinais merecem ter uma maior atenção a respeito da estruturação estatística, já que, as (co)variâncias dos mesmos possuem estrutura bem consolidada entre as observações, fazendo-se necessário a modelação dessas, para que possa se fazer inferência sobre os dados.

Segundo Meyer (1998), uma alternativa para análise de dados longitudinais é permitir que a curva representasse várias características, ou seja, considerando as mudanças que ocorrem nas (co)variâncias entre característica nas diferentes idades. Para que isso possa ser realizado ajustando-se o MRA, onde é feito a regressão dos pesos dos animais em função da idade.

Lembrando que para se utilizar os MRAs deve-se fazer uso de uma função que descreva os efeitos fixos e aleatórios que agem sobre as características, podendo ser uma função ortogonal, paramétrica ou de covariância (COBUCI et al., 2004), todavia, são principalmente utilizados os polinômios ortogonais de Legendre.

As funções de covariância (FC) foram apresentadas por Kirkpatrick et al. (1990) para análise de dados longitudinais, pois permitem descrever mudanças das covariâncias ao longo do tempo e, estimar variâncias e covariâncias para qualquer ponto ao longo da curva, mesmo que não haja todas as informações entre os pontos (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Desta forma, uma função de covariância pode ser decomposta em autofunções e autovalores, e para cada autofunção existe um autovalor, que representa a proporção de variação total que ela explica.

Vale ressaltar que, quando se observa uma condição impropria em qualquer ponto da trajetória das funções de covariâncias pode ser explicado por uma modelagem insuficiente dos componentes de variância, ou mesmo pela pouca informação disponível, podendo levar a uma sub ou superestimação dos dados (STRABEL; MISZTAL, 1999; VAN DER WERF, 1998).

Segundo Kirkpatrick et al. (1994), a utilização de polinômios ortogonais de Legendre na regressão aleatória, é explicada por serem normalizados e adequados para o ajuste de funções contínuas, tornando-se eficiente para o processo de convergência dos programas computacionais.

Pode-se observa as vantagens da utilização dos polinômios de Legende nos MRAs em vários trabalhos no setor de bovino de corte, já que esses modelos não requerem qualquer pressuposição sobre a forma da curva da característica com o tempo, entretanto, alguns trabalhos veem relatando que esses modelos requerem o ajuste de polinômios de altos graus, especialmente para modelar os efeitos de ambiente permanente do animal, conseqüentemente, estes apresentam um grande número de parâmetros a serem estimados e assim dificultando a análise (BROTHERSTONE et al. 2000; MEYER, 1999; 2000; 2001).

Os polinômios de altos graus estão relacionados com problemas de capacidade computacional devido à quantidade numérica de dados a serem estimados e conseqüentemente uma maior exigência computacional (KIRKPATRICK et al., 1994; MEYER, 1998).

Segundo El Faro et al. (2008), o número elevado de parâmetro no modelo, a estrutura de covariância e o fato de as matrizes de incidência serem mais densas que os modelos convencionais podem dificultar a convergência na estimação dos componentes de variância, sendo uma limitação na utilização dos MRAs para avaliações genéticas com grande volume de dado. Sendo de grande dificuldade para os programas que realizam avaliações genéticas nacionais, que fazem uso de uma grande quantidade de informações.

Meyer (2004) descreve que esses problemas relacionados com a maior dificuldade de convergências dos MRAs podem ser melhorados a partir do uso de dados de animais que possuam um mínimo de informações iguais à ordem do polinômio ortogonal utilizado para os efeitos animais, e evitando-se a utilização de altas ordens de polinômio desnecessárias.

Existe uma preocupação quanto à partição da variância total, devido os MRAs necessitam de uma modelagem adequada das variâncias para que a estimação dos efeitos incluídos no modelo não sejam influenciados. De acordo com Cobuci et al., (2005) que analisou dois tipos de modelagem uma considerando homogeneidade e outra considerando heterogeneidade de variância para o efeito de ambiente permanente verificou uma superestimação da variância genética aditiva direta quando se considerou uma condição de homogeneidade.

Alguns trabalhos (CAVALHEIRO et al., 2002; TORRES et al., 2000) já teriam comparado modelos de estrutura de variância residual considerando

homogeneidade e heterogeneidade, e constataram a importância de se avaliar e considerar a heterogeneidade pela mudanças percebidas nos valores genéticos preditos.

De acordo com Cavalcante-Neto et al. (2011) os MRA, a modelagem que considera as variâncias residuais heterogêneas pode melhorar a partição da variação total, mas proporciona um aumento no número de parâmetro a ser estimado no processo de maximização da função de verossimilhança.

Vários estudos ainda se fazem necessários para que possa elucidar qual seria a metodologia e modelo mais adequado na predição das variâncias e covariâncias de um conjunto de dados longitudinais.

## 2.2. Critério de comparação AIC, BIC, LOG(L), LRT e fator de BAYES

A seleção ou escolha de modelos é uma importante ferramenta da estatística que possibilita a escolha do melhor modelo, ou seja, aquele que melhor se ajusta aos dados em análise, dentre uma grande variedade de modelos existentes. As metodologias que são mais frequentemente utilizadas na comparação entre os ajustes dos modelos são principalmente a Função da Máxima Verossimilhança ( $\log(L)$ ), Critério de Informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1974), Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1998), Teste da Razão de Verossimilhança (LRT), em nível de 1% de probabilidade, e na abordagem Bayesiana com o Fator de Bayes.

Os métodos de AIC e BIC são valores atribuídos para os logaritmos das funções de verossimilhanças do modelo, que dependem tanto do número de observações quanto do número de parâmetros presentes no modelo (COSTA, 2003).

Os critérios AIC e BIC consideram a falta de ajuste e o número de parâmetros estimados do modelo, em que, modelos que possuem menores valores de AIC e BIC são indicados como sendo os melhores modelos de ajuste dos dados. O AIC pode ser utilizado para comparar modelos que possuam os mesmos efeitos fixos, porém, diferentes estruturas de variância. Já no caso do critério BIC, o julgamento é

igual, no entanto, esse critério atribui uma maior penalidade aos modelos com grande número de parâmetros, que o critério de AIC (KUMAR et al., 2012). Para AIC e BIC os valores para comparação é dado respectivamente por:

$$AIC = -2\log L + 2p;$$

$$BIC = -2\log L + k \times p, \text{ sendo } k = \log(n).$$

em que,  $\log L$ , é o valor do logaritmo natural da função de máxima verossimilhança,  $p$  é o número de parâmetros do modelo,  $k$  é uma constante,  $n$  é o número de observações.

Ambos os critérios permitem que se façam comparação entre os modelos, penalizando os modelos com maior número de parâmetros, sendo que para BIC essa penalidade é mais rigorosa, tendendo a favorecer modelos chamados parcimoniosos, ou seja, modelos menos parametrizados (NUNEZ-ANTÓN; ZIMMERMAN, 2000; WOLFINGER, 1993).

A  $(\log(L))$  leva em consideração que quanto maior for o valor para o  $\log(L)$ , mais adequado se torna o modelo, entretanto, esse método tende a um viés nos modelos mais complexos ou mais parametrizados (LÓPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003). O LRT, através da estatística 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  $j$ , em que, a estimativa LRT 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. Este teste

permite comparações apenas entre modelos aninhados e tende a favorecer modelos com maior número de parâmetros (MEYER, 2000).

Silva et al. (2008) destacam que o fator de Bayes é um instrumento usado para a seleção de dois ou mais modelos, podendo ser utilizado para vários tipos de modelos, sejam eles discretos ou contínuos, encaixados ou não encaixados, simples ou complexos. Quando as densidades são definidas no espaço paramétrico  $n$ -dimensional, o fator de Bayes pode ser calculado através de métodos computacionais, como o método de Monte Carlo ou utilizando métodos numéricos viáveis para cada situação diferente, como o método de aproximação de Laplace. O fator de Bayes está relacionado com o teste de razão de verossimilhança, onde o parâmetro é maximizado, ao invés de integrado, podendo ser utilizado para verificar a presença de observações estranhas, ou outliers e se uma observação se adequa ao modelo considerado.

Jeffreys (1961) introduziu uma tabela de calibragem para interpretação do fator de Bayes, onde se sugeriu dividir os possíveis valores do cálculo do fator de Bayes em quatro intervalos e a partir daí surgiram novas tabelas, com pequenas diferenças e adaptadas para várias situações. O logaritmo do fator de Bayes é aplicado a fim de obter números com intervalos menores.

Existem outras interpretações para o fator de Bayes, como a validação cruzada e o escore logarítmico, fornecendo uma medida de predição dos dados e a adequabilidade do modelo em relação aos dados. O fator de Bayes é uma medida da evidência provida pelos dados a favor de um modelo estatístico. Porém, quando o fator de Bayes é aplicado e um único modelo é selecionado, é através deste modelo que a aplicação é realizada, ignorando a presença de incerteza envolvida na seleção de modelos. Estas incertezas, porém, podem levar a um modelo falso comprometendo a conclusão final desta aplicação. Existem outros problemas considerados importantes com introduzir métodos de integração numérica para aproximação e o número de termos da equação que pode ser muito grande (KASS; RAFTERY, 1995).

Vários autores (ALBUQUERQUE et al., 2005; ALBUQUERQUE; MEYER, 2005; BALDI et al., 2010; BOLIGON et al., 2011) ressaltam que embora existam

diversos critérios para escolha dos melhores modelos de regressão aleatória, os mais utilizados segundo a literatura são os Critério de Informação de Akaike e Bayesianos (AIC e BIC).

## Referências

AKAIKE, H. A new look at statistical model identification. **IEEE Trans. On Automatic Control**, v.19, n.6, p.716-723. 1974.

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal 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.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric correlation structure to model within-animal correlations. **Livestock Production Science**, v.93, p.213-222, 2005.

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, jan. 2004.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES (ABIEC). Pecuária Brasileira, 2011 – [www.abiec.com.br](http://www.abiec.com.br). <[http://www.abiec.com.br/3\\_pecuaria.asp](http://www.abiec.com.br/3_pecuaria.asp)>. Acessado em 06/12/13.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE (ABIEC). 2012. Disponível em: [http://www.abiec.com.br/download/stat\\_mercadomundial.pdf](http://www.abiec.com.br/download/stat_mercadomundial.pdf).

BALDI, F.;ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult Age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. V.127, p. 289-299, 2010.

BOLIGON, A.A., BALDI, F., ALBUQUERQUE, L.G. Estimates of genetic parameters for scrotal circumference using random regression models in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.137, p.205-209, 2011.

BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. Genetic modeling of daily yields using orthogonal polynomials and parametric curves. **Journal Animal Science**, v.70, p.407-415, 2000.

CAVALCANTE-NETO, A.; THOLON, P.; LUI, J. F.; LARA, M. A. C.; FONSECA, C.; RIBEIRO, M. N.; SARMENTO, J. L. R. Modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual para descrever o tamanho da leitegada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 4, p. 1043-1050, out-dez, 2011.

CARVALHEIRO, R.; FRIES, L. A.; SCHENKEL, F. S.; ALBUQUERQUE, L. G. Efeitos da Heterogeneidade de Variância Residual entre Grupos de Contemporâneos na Avaliação Genética de Bovinos de Corte. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.31, n.4, p.1680-1688, 2002.

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, C. N. et al. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p.546-555, 2004.

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S. et al. Estimation of genetic parameters for test-day milk in Holstein cows using a random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.1, p.75-83, 2005.

COSTA, da. S. C. **Modelos lineares generalizados mistos para dados longitudinais**. 2003. 110 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo. São Paulo, 2003.

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; SANTOS, G.G. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, p.454-460, 2008.

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.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; CARDOSO, V. L. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus* Artiodactyla, Bovidae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n. 03, p. 665-673, 2008.

FERRAZ J. B. S; FELÍCIO P. E., 2010. Sistemas de produção: um exemplo do Brasil. *Meat Sci.*, v. 84, p. 238-243.

HENDERSON JR., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, non homogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, n.2, p.623-640, 1982.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE), PPM 2011: rebanho bovino cresce 1,6% e chega a 212,8 milhões de cabeças, 2012. <<http://saladeimprensa.ibge.gov.br/noticias?view=noticia&id=1&busca=1&idnoticia=2241>>. Acessado em 06/12/13.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE), 2010. <[http://www.ibge.gov.br/home/geociencias/cartografia/default\\_territ\\_area.shtm](http://www.ibge.gov.br/home/geociencias/cartografia/default_territ_area.shtm)>. Acessado em 06/12/13.

JAMROZIK J.; SCHAEFFER, L. R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for production of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762– 770, 1997.

JEFFREYS, H. **Theory of Probability**, London: Oxford University Press, 1961.

KASS, R. E.; RAFTERY, A. E. Bayes factors. **Journal of the American Statistical Association**, v.90, p.773-795, 1995.

KIRKPATRICK, M.; HILL, W.G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genet. Res.**, v.64, p.57-69,1994.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, P. 979-993, 1990.

KUMAR, S.; SINGH, S. N.; RAY, U. C.; KUMAR, S. Effect of Forgetting Factor on Gray Box Auto Regressive Exogenous Algorithm for Short Term Diurnal Temperature Forecast in Remote Area Regions. **Journal of Arid Land Studies**, 22-1, 183 -186, 2012 .

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyse first-lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.82, p.81-86, 2003.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal 'repeated' records by restrict maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, n.3, p.85-200, 1997.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetic Selection 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 Genetics**, v.116, p.181– 205, 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. Estimating genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetic Selection Evolution**, v.33, p.557-585, 2001.

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

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

NEPOMUCENO, L. L.; LIRA, T. S.; LOPES, F. B.; LÔBO, R. B.; FERREIRA, J. L. Interação genótipo-ambiente para características sob efeito maternal na raça Nelore nos estados do Maranhão, Mato Grosso e Pará. **Revista Brasileira de Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v. 14, n.2, p. 269- 276 abr./jun., 2013.

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 Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.

NUNEZ- ANTÓN, V. N.; ZIMMERMAN, D. L. Modelling nonstationary longitudinal data. **Biometrics**, v. 56, p. 699- 705, 2000.

PTAK, E.; SCHAEFFER, L. R. Use of test day yields for genetic evaluation of 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, 2000. 81p. Tese (Doutorado) – Centros de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Viçosa.

SILVA, F. F.; SÁFADI, T.; MUNIZ, J. A.; AQUINO, L. H.; MOURÃO, G. B. Comparação bayesiana de modelos de previsão de diferenças esperadas nas progênes no melhoramento genético de gado Nelore. **Pesq. Agropec. Bras., Brasília**, v.43, n.1, p.37-45, jan. 2008.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of the model. **The Annual of Statistics.**, n.6, p.127-132, 1998.

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.

TORRES, R. A.; BERGMANN, J. A. G.; COSTA, C. N.; PEREIRA, C. S.; VALENTE, J.; PENNA, V. M.; TORRES FILHO, R. A.; ARAÚJO, C. V. Heterogeneidade de Variância e Avaliação Genética de Bovinos da Raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira Zootecnia**, n. 29, v. 4, p. 1050-1059, 2000.

VALENTE, B. D.; SILVA, M. A.; SILVA, L. O. C.; BERGMANN, J.A.G.;PEREIRA, J.C.C.; FRIDRICH, A. B.; FERREIRA, I. C.; CORRÊA, G. S. S.Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil, **Arquivo Brasileiro Med. Vet. Zootec.**, v.60, n.2, p.389-400, 2008.

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

VAN DER WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random Regression in Animal Breeding**. Course Notes, Ontario: University of Guelph, p.70, 1997.

WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models, **Communications in Statistics**, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

## CAPÍTULO II

### **3. Estimação de componentes de (co)variâncias para características de crescimento em bovinos Nelore criados no Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória.**

(Artigo redigido conforme normas da Revista Semina: Ciências Agrárias.

(<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/index>).

**Estimação de componentes de (co)variâncias para características de crescimento em bovinos  
Nelore criados no Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória**

**Estimation of (co)variances for growth traits in Nelore cattle raised in the Humid Tropics of  
Brazil by random regression**

**Resumo:** Modelos de regressão aleatória são utilizados atualmente na avaliação genética de bovinos de corte, devido admitir mudanças na média e variâncias da característica ao longo do tempo, estimando (co)variâncias entre qualquer ponto na curva de crescimento do rebanho. Objetivou-se estimar componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos Nelore por meio de regressão aleatória, utilizando modelos com heterogeneidade e homogeneidade de variância residual. Utilizou-se de 23.278 registros de pesagens, do nascimento aos 550 dias de idade, nascidos entre 1993 e 2010. O modelo de melhor ajuste foi o que considerou os efeitos: genético direto, genético materno, de ambiente permanente do animal e o de ambiente permanente materno ajustado por polinômios de quarta, terceira, sexta e quarta ordens respectivamente. As estimativas de herdabilidade para o efeito genético direto se apresentaram crescentes dos 120 aos 450 dias de idade e tendo uma redução aos 550 dias de idade, observando-se valores de 0,23; 0,38; 0,52 e 0,43, respectivamente, sendo que, as estimativas de herdabilidades maternas foram baixas para todas as idades analisadas, variando de 0,01 a 0,08. As correlações genéticas foram de moderada a alta magnitude, e mantendo-se moderada mesmo com o aumento da distância entre as idades.

**Palavras-chave:** desempenho; herdabilidade; curva de crescimento

**Abstract:** Random regression models are currently used in genetic evaluation of beef cattle, because admitting changes in the mean and variance of the trait over time, estimating (co) variance between any point in herd growth curve. The objective was to estimate (co)variances and genetic parameters for growth traits of Nelore cattle by random regression using models with heterogeneity and homogeneity of residual variance. Utilized if 23,278 weighing records from birth to 550 days of age, the born between 1993 and 2010. The best-fitting model was the one that considered the effects: direct genetic, maternal genetic, permanent environmental animal and maternal permanent environmental adjusted by polynomials of fourth, third, sixth and fourth order respectively. Heritability estimates for direct genetic effect is presented increasing from 120 to 450 days of age and were reduced to 550 days of age, observing values utilized if of 0.23, 0.38, 0.52 and 0.43, respectively, and the estimates of maternal heritability were low for all ages analyzed, ranging from 0.01 to 0.08. The genetic correlations were moderate to high magnitude, and remaining even with the moderate increase of the distance between the ages.

**Key words:** heritability; performance; the growth curve

## **Introdução**

A pecuária bovina de corte exerce papel importante no cenário do Agronegócio brasileiro. Segundo projeções do setor, existe uma expectativa de crescimento na produção de 4,4 % até 2015, devido ao grande potencial de produção do rebanho brasileiro, que é o primeiro nas exportações mundiais, segundo maior produtor de bovinos e terceiro lugar no consumo mundial de alimentos de origem animal (BRASIL, 2011).

Os índices produtivos e reprodutivos encontrados ainda estão aquém do ideal, principalmente devido a aspectos relacionados a fatores genéticos, à baixa eficiência reprodutiva, aspectos sanitários e fatores edafoclimáticas (SANTOS et al. 2011).

No Brasil, o rebanho bovino é constituído principalmente de animais zebuínos, e cerca destes 80% são da raça Nelore e Anelorados, apresentando diferenças no crescimento e desempenho de acordo com a região de criação, devido à diversidade de clima e gestão do sistema (FERRAZ & ELER, 2010).

Muitos pesquisadores, em diferentes regiões, têm analisado os fatores genéticos e não-genéticos que afetam as características de crescimento e reprodução como o peso em diferentes idades, curvas de crescimento e caracteres reprodutivos, confirmando essas diferenças (NEPOMUCENO et al. 2012; LIRA et al. 2013; SANTOS et al., 2012). Entretanto, pesquisas que envolvam dados longitudinais, em metodologia de regressão aleatória, em bovinos da raça Nelore na região do Trópico Úmido do Brasil ainda são incipientes.

Modelos de regressão aleatória vêm sendo utilizado como alternativa às análises convencionais por diversos pesquisadores (ALBUQUERQUE & MEYER, 2005; ALBUQUERQUE & EL FARO, 2008; BIASSUS et al., 2011), devido permitir incorporar toda a informação de um animal, admitindo considerar mudanças na média e variâncias da característica ao longo do tempo, estimando (co)variâncias entre qualquer ponto na curva de crescimento do rebanho por meio das denominadas funções de (co)variâncias.

Dessa forma, objetivou-se com o presente trabalho estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento por meio de modelos de regressão aleatória utilizando a condição de homogeneidade e heterogeneidade de variância residual.

## **Material e Métodos**

Foram utilizadas informações de genealogia e registros de pesagem de bovinos machos e fêmeas da raça Nelore, provenientes da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), criados nos estados do Mato Grosso, Pará, Rondônia e Tocantins, localizado na região do Trópico

Úmido do Brasil. Foram utilizados 23.278 registros de pesagens, do nascimento aos 550 dias de idade, nascidos entre 1993 a 2010. Para as análises foram considerados apenas animais com peso ao nascimento entre 20 e 45 kg, e com no mínimo 4 pesagens.

O grupo de contemporâneo (GC) foi determinado a partir da concatenação de fontes de variação ambiental, tais como: estação de nascimento, ano de nascimento, grupo de manejo, sexo e fazenda, sendo que, a data da pesagem foi comum ao grupo de manejo. Para manter o arquivo de dados consistente foram mantidos (GC) com pelo menos quatro animais e touros com no mínimo de três filhos. O arquivo final de dados ficou constituído de 3.116 animais filhos de 47 touros e 636 vacas, formando 267 GC. A matriz de parentesco incluiu 8.385 animais de todas as gerações disponíveis. Observou-se no presente arquivo após as restrições feitas que apresentou aproximadamente 4 filhos por vaca. Um resumo da estrutura dos dados está apresentado na Tabela 1.

O modelo utilizado considerou como efeito fixo os GCs, e como covariáveis de idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático) e a idade do animal à pesagem (polinômio de Legendre), e como aleatórios os efeitos genéticos aditivos direto e maternal, e de ambiente permanente do animal e maternal. O resíduo foi modelado considerando sete classes de idades, agrupadas da seguinte forma: 1-56, 57-147, 148-218, 219-259, 260-301, 302-372 e 373-550 dias de idade, respectivamente.

Foi considerado o modelo de polinômio ortogonal de Legendre, sobre a idade a pesagem, para modelar a curva média da população. O modelo completo pode ser descrito como:

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

em que,  $y_{ij}$  =  $i$ -ésima medida do  $j$ -ésimo animal;  $EF$  = conjunto de efeito fixo;  $b_m$  = coeficiente de regressão fixo para modelar a curva média da população;  $\phi_m(t_i)$  = função de regressão polinomial de Legendre que descreve a curva média da população de acordo com a idade do animal;  $\phi_m(t_{ij})$  = funções de regressão polinomial de Legendre que descrevem as curvas de cada animal  $j$ , de acordo com a idade  $(t_i)$ , para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno, ambiente permanente do animal e maternal;  $\alpha_{jm}$ ,  $\gamma_{jm}$ ,  $\delta_{jm}$ ,  $\rho_{jm}$  = coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto e maternal, de ambiente permanente do animal e maternal, respectivamente, para cada animal;  $k_b$ ,  $k_A$ ,  $k_M$ ,  $K_C$  e  $K_Q$  = ordem dos polinômios de Legendre dos efeitos incluídos no modelo;  $e_{ij}$  = erro aleatório associado a cada idade  $i$  do animal  $j$ . Com  $N \sim (0, \sigma^2)$  = distribuição normal e variância igual a 1.

Os componentes de (co)variâncias foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o programa WOMBAT (MEYER, 2007). Foi utilizado polinômios ortogonais de Legendre para modelar os efeitos genéticos aditivos diretos e maternal, de ambiente permanente do animal e maternal. Foram testados dezesseis modelos variando a ordem de ajuste da primeira a sexta ordem.

Os diferentes modelos foram comparados pelo critério de informação de Akaike (AIC, AKAIKE, 1974) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC, Schwarz, 1998). Esses critérios permitem a comparação de modelos não ajustados e penalizam os modelos mais parametrizados, sendo que o critério de BIC é rigoroso com modelo mais parametrizados (WOLFINGER, 1993; NUNEZ-ANTÓN & ZIMMERMAN, 2000). Considerou-se como modelos de melhores ajustes os que apresentaram menores valores para AIC e BIC, sendo determinados por:

$$AIC = -2\log L + 2p;$$

$$BIC = -2\log L + k \times p, \text{ sendo } k = \log(n).$$

em que,  $\log L$ , é o valor do logaritmo natural da função de máxima verossimilhança,  $p$  é o número de parâmetros do modelo,  $k$  é uma constante,  $n$  é o número de observações.

Os seguintes componentes de variância foram estimados: variância genética aditiva direta  $\sigma_a^2$ , variância genética aditiva materna  $\sigma_m^2$ , covariância genética entre os efeitos direto e materno  $\sigma_{am}$ , variância devido aos efeitos ambientais permanentes  $\sigma_{ep}^2$ , e, a variância residual  $\sigma_e^2$ . Esses componentes permitiram a estimação dos seguintes parâmetros: hereditariedade direta ( $h_a^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$ ), herdabilidade materna ( $h_m^2 = \sigma_m^2 / \sigma_p^2$ ), correlação genética entre os efeitos direto e materno ( $r_{am}$ ); razão entre variância ambiental permanente e variância fenotípica ( $c$ ); herdabilidade total  $h_T^2 = (\sigma_a^2 + 0.5\sigma_m^2 + 1.5\sigma_{am}) / \sigma_p^2$ ; e variância fenotípica  $\sigma_p^2 = (\sigma_a^2 + 0.5\sigma_m^2 + 1.5\sigma_{am} + \sigma_e^2)$ .

## Resultados e Discussão

Os pesos médios aumentaram quase linearmente com a idade (Figura 1). Da mesma forma, os desvios-padrão mostraram a mesma tendência que os pesos médios, ou seja, aumentaram com a idade.

Os coeficientes de variação aumentaram até os animais atingirem 60 a 120 dias de idade e então decresceram levemente com a idade, indicando forte associação entre as médias e os desvios-padrão.

Esses resultados justificaram a partição da variância residual em sete classes, uma vez que, foi observada maior variação dos desvios-padrão do nascimento até os 365 dias de idade. A partir dessa idade o intervalo das classes de idade aumentou devido a maior variação no número de indivíduos e peso, conforme pode ser observado na Figura 1.

Observou-se que taxa de crescimento após os 210 dias de idade teve desempenho constante (Figura 2). Como pode ser observado na Figura 2, existe uma forte seleção para peso corporal, com ganhos expressivos na idade jovem, porém não gerando ganhos lineares nas idades mais avançadas. Entretanto, no Brasil a seleção geralmente está associada a pesos em idades posteriores a doze meses, o que poderá ter reflexos direto sobre o desempenho reprodutivo de fêmeas na idade adulta, bem como na eficiência econômica do sistema, uma vez que pode aumentar o tempo de permanência do rebanho no pasto, gerando aumentos nos custos de produção. Assim, a seleção em idades mais jovens é mais recomendada, uma vez que a associação entre as idades mais jovens (120 e 210) e as demais (365, 450 e 550) foi alta e positiva.

O peso corporal é atualmente o critério de seleção em programas de melhoramento no Brasil, mas se o ganho de peso médio fosse considerado seria melhor selecionar animais com maiores ganhos nas idades mais jovens (120 e 210 dias). Se correlações são fortes em todas as idades e as herdabilidades são altas, a seleção de animais mais jovens (120 e 210 dias) irá provavelmente resultar em animais mais precoces e mais pesados momento do abate.

De acordo com os critérios de informação de AIC e BIC, o modelo M4465 com 57 parâmetros foi o de melhor ajuste, quando se considerou a homogeneidade de variância residual (Tabela 2). Ainda em conformidade aos critérios de informação AIC e BIC, mas considerando heterogeneidade de variância residual, verificou-se que o modelo M4364, com 54 parâmetros, foi suficiente para modelar a variância nos dados, sendo assim, o mais adequado (Tabela 3).

Analisando as tabelas 2 e 3 que consideram condições de homogeneidade e heterogeneidade de variância residual respectivamente, verificou-se uma variação do Log L de forma significativa ( $P < 0,05$ ) pelo teste da razão de verossimilhança, com a presença das sete classes de variância, sugerindo que o resíduo heterogêneo é o mais adequado para ajustar a variância nos dados.

Com base nos valores de AIC e BIC, e lembrando que são critérios que impõem penalidades de acordo com o número de parâmetro a ser estimado; então, com a utilização de classes de variâncias, observou-se uma diminuição no AIC e BIC, o que demonstra que o modelo que considerou a variância residual heterogênea (modelo 4364) foi o mais indicado para a estrutura dos dados deste trabalho. Uma vez que a distribuição do número, desvio-padrão e principalmente coeficiente de variação no conjunto de dados variou conforme a idade.

Assim, uma modelagem adequada na variância residual ao longo da trajetória de crescimento é importante para que as estimativas dos demais parâmetros sejam adequadas, apresentando maior acurácia e evitando viés nas estimativas genéticas aditivas diretas, maternal, de ambiente permanente do animal e maternal, e consequentemente erros na classificação genética dos animais. Segundo Dias et al. (2006), 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 maternal 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.

A literatura apresenta vários trabalhos (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; MEYER, 2000; TORRES, 2000), que indicam que considerar estruturas heterogêneas de variância residual é mais adequado para ajustar pesos de bovinos ao longo do crescimento, devido proporcionar uma melhora na partição da variação total. Por sua vez, quando se assumi homogeneidade de variância residual significa que o ambiente afeta igualmente todas as idades, o que não condiz com a realidade. Além disso, grande parte da variação residual pode contaminar a variância de ambiente permanente de animal (HUISMAN et al., 2002).

Ainda, com base nos critérios de AIC e BIC o modelo de melhor ajuste foi o M4364, em que se considerou heterogeneidade de variância (Tabela 3). Entretanto analisando os percentuais dos autovalores do modelo M4364 (Tabela 4), para cada ordem de polinômio utilizado nas diferentes variâncias estimadas, pode-se observar que para as estimativas de variância maternal, variância de ambiente permanente do animal e maternal à medida que os polinômios aumentavam sua ordem, os autovalores ficavam próximos de zero. Isso significa que a utilização de polinômios de maior ordem não foi capaz de explicar estas variâncias, uma vez que apenas no efeito genético direto, o intercepto apresentou maior estimativa de variância associada (Tabela 4).

As correlações entre o intercepto e o coeficiente de regressão linear foram altas e positivas para os efeitos: genético aditivo direto (0,88), maternal (0,85), e de ambiente permanente de animal (0,77). Para o efeito de ambiente permanente maternal, a correlação entre o intercepto e o coeficiente de regressão linear foi negativa e baixa (-0,002). Utilizando pesos do nascimento aos 630 dias de idade de animais da raça Nelore, Albuquerque & Meyer (2001) relataram correlações positivas e altas entre o intercepto e o coeficiente de regressão linear para todos os efeitos aleatórios. De modo semelhante, Dias et al. (2006) também estimaram correlações positivas e altas entre o intercepto e o coeficiente de regressão linear para todos os efeitos aleatórios, utilizando informações de pesos do nascimento aos 550 dias de idade de animais da raça Tabapuã.

Com base nestas análises, verificou-se que os parâmetros de variância genética maternal, variância de ambiente permanente do animal e variância de ambiente permanente maternal, seriam mais bem ajustados com os coeficientes polinomiais de ordens 2, 5 e 3, respectivamente, sendo capazes de explicarem as variâncias com maior acurácia, conforme se pode observar na Tabela 5.

Assim o modelo M4253 pode explicar melhor as mesmas variâncias, proporcionando assim uma diminuição do número de efeitos aleatórios, bem como promovendo uma melhor estruturação dos dados e conseqüentemente facilitando a convergência. As estimativas de variâncias genéticas diretas, de ambiente permanente do animal e fenotípicas foram crescentes com o aumento da idade dos animais, e apresentaram importantes variações ao longo das idades, indicando boa resposta à seleção nesse período. Essas variações oscilaram de forma diferente entre as idades, variando de 31 a 59 %, para a variância genética direta, e de 19 a 56 % para a variância fenotípica (Figura 3). Os autores Albuquerque & Meyer (2001); Nobre et al. (2003); Dias et al. (2006) também observaram variâncias crescentes à medida que as idades progrediram.

Com base nos resultados obtidos pode-se afirmar que as idades do nascimento e 550 dias possuem uma alta variação genética aditiva e fenotípica, sendo suficientes para responder bem ao processo de seleção, corroborando com Albuquerque & Meyer, (2001); Cyrillo, (2003); Nobre et al., (2003); Boligon et al. (2010) e Sousa Jr. et al. (2010). Ressaltando que, à medida que a seleção é realizada em uma idade mais avançada, maior será a correlação com peso adulto (BARBOSA, 1991; OLIVEIRA, 1995), o que poderá acarretar animais com pesos adultos elevados, que são indesejáveis e economicamente inviáveis.

As estimativas de correlações genéticas diretas entre as idades foram altas e positivas, indicando que a seleção seja mais efetiva às idades jovens, isso indica que melhorias em um traço implicará em melhorias de outras características (Tabela 6). Valores de correlações genéticas similares foram reportadas por Bolignon et al. (2008), Albuquerque & El Faro et al. (2008), e Souza Júnior et al. (2010).

As estimativas de herdabilidades diretas ao longo da curva decrescimento diferiram em função do ajuste da variância residual (M4364) (Figura 4). Dessa forma, as herdabilidades estimadas no modelo com variância residual heterogênea (M4364, Tabela 3) foram superiores ao modelo com resíduo homogêneo (M4465, Tabela 2) até a idade de 450 dias. Resultados similares têm sido reportados por diversos autores (SILVA, 2004; BOLIGON, 2008).

Os valores das herdabilidades direta sugerem presença de variabilidade genética suficiente para a obtenção de ganho genético expressivo por meio de seleção, já a partir da desmama aos 210 dias de idade, visto que as estimativas praticamente se mantiveram altas e constantes até aos 450 dias de idade. Dessa forma, recomenda-se que a seleção seja praticada em idades mais jovens, o que se permitiria selecionar animais mais precoces e maximizar os lucros da pecuária. Resultados semelhantes foram reportados por Palharim et al. (2013).

Com relação às estimativas de herdabilidade de variância genética maternal estimada nos dois modelos ((M4465, Tabela 2) e (M4364, Tabela 3)) apresentaram resultados semelhantes, do nascimento até os 450 dias de idade (Figura 5).

A baixa herdabilidade observada denota a baixa contribuição do efeito materno ao longo da curva de crescimento do animal, bem como, a fraca seleção para esta característica em rebanhos da região do Trópico Úmido do Brasil. Esses resultados são corroborados pelos trabalhos de Albuquerque & Meyer, (2001); Nobre et al., (2003); Silva, (2004); Dias et al., (2006).

Sendo que, os maiores valores observados na figura 5 (herdabilidade maternal) coincidem com os menores valores da herdabilidade direta, justificando a menor influência maternal e a maior contribuição genética aditiva direta com o avanço da idade dos animais (MEYER, 1999; DIAS et al., 2006). Considerando estes resultados com os apresentados na figura 4, constata-se que na região do Trópico Úmido do Brasil a seleção para peso, é um critério forte de seleção, o que pode promover aumento nos custos de produção, pela consequente elevação do peso adulto dos animais.

### **Conclusões**

A utilização de modelos que consideraram a heterogeneidade de variância residual por meio de regressão aleatória mostraram-se mais adequados para modelar as variâncias residuais, tornando a estimação e predição dos componentes de (co)variâncias mais precisas e acuradas.

Existe variabilidade genética aditiva suficiente para promover ganhos genéticos satisfatórios para o desempenho ponderal mesmo em idades iniciais. A seleção em idades iniciais deve ser mais indicada nos rebanhos do Trópico Úmido do Brasil, uma vez que, poderá promover ganhos nas idades pós-desmama.

### **Agradecimentos**

A ANCP por ter cedido os dados para realização do trabalho.

### **Referências**

ALBUQUERQUE, L. G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Alemanha, v.118, p.83-92, 2001.

ALBUQUERQUE, L. G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric structure to model within animal correlations. **Livestock Production Science**, Dinamarca, v.93, p.213-222, 2005.

ALBUQUERQUE, L. G.; EL FARO, L. Comparação entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita e infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.37, n.2, p.238-246, 2008.

ARANGO, A.; CUNDIFF, L. V.; VAN VLECK, L. D. Genetic parameters for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.80, p.3112-3122, 2002.

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**, Champaign, v.82, p.54- 67, 2004.

AKAIKE, H. A new look at statistical model identification. **IEEE Trans. on Automatic Control**, Notre Dame, v.19, n.6, p.716-723.1974.

BARBOSA, P.F. **Análise genético-quantitativa de características de crescimento e reprodução em fêmeas da raça Canchim**. Ribeirão Preto: Universidade de São Paulo, 1991. 237p. Tese (Doutorado em Genética) - Universidade de São Paulo, 1991.

BIASSUS, I. O.; COBUCCI, J.A.; COSTA, C. N.; RORATO, P. R. N.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, L. L. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, p.85-94, 2011.

BOLIGON, A. A. **Estimativas de (co)variância genética de pesos do nascimento até a maturidade em rebanhos da raça Nelore usando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2008. 91p Dissertação (Mestrado)-Universidade Estadual Paulista, 2008.

BOLIGON, A. A.; SILVA, J. A. V.; SESANA, R. C.; et al. Estimation of genetic parameters for body weights, scrotal circumference, and testicular volume measured at different ages in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**. Champaign, v.88, p.1215-1219, 2010.

CYRILLO, J.N.S.G. **Estimativas de funções de covariância para o crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2003. 72p. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Universidade Estadual Paulista, 2003.

DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.5, p.1104-1113. 2003.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. Parceria público x privada no desenvolvimento de pesquisa em melhoramento genético animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, p. 216-222, 2010.

GUSMÃO, F. B.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R. Tendências genéticas, fenotípicas e ambientais para D160 e D240 em bovinos Nelore no estado da Bahia. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.40, n. 2, p.301-305, 2009.

LIRA, T. S.; PEREIRA, L. S.; LOPES, F. B.; FERREIRA, J. L.; LÔBO, R. B.; SANTOS, G. C. J. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 14, n. 1, p. 23 – 31, jan./mar. 2013.

- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Alemanha, v.116, p.181-205, 1999.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, Dinamarca, 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**, INRA, França, v.33, p.1-28, 2001(a).
- MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetics Selection Evolution**, INRA, França, v.33, p.557-585, 2001(b).
- MEYER, K. WOMBAT. A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science**, China, v. 8, p. 815- 821, 2007.
- NEPOMUCENO, L. L.; ANDRADE, R. J.; LOPES, F. B.; LIRA, T. S.; VIEIRA, L. F.; SANTOS, G. C. J.; PEREIRA, L. S.; FERREIRA, J. L. Associações genéticas entre o perímetro escrotal e as características produtivas e reprodutivas em rebanho Nelore criado na região norte do Tocantins. **Revista Acadêmica, Ciências Agrárias e Ambientais**, Curitiba, v. 10, n. 3, p. 253-261, jul./set. 2012.
- NOBRE, P. R. C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J. K. L.; SILVA L. O. C.; LOPES, P. S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.81, p.918-926, 2003.
- NUNEZ- ANTÓN, V. N.; ZIMMERMAN, D. L. Modelling nonstationary longitudinal data. **Biometrics**, Arlington, Texas, v. 56, p. 699- 705, 2000.
- OLIVEIRA, H.N. **Análise genético-quantitativa da curva de crescimento de fêmeas da raça Guzerá**. Ribeirão Preto: Universidade de São Paulo, 1995. 73p. Tese (Doutorado em Genética) - Universidade de São Paulo, 1995.
- PÁDUA, J. T.; SILVA, R. G. da. Avaliação genética do desempenho de bovinos mestiços Chianina x Nelore. 1. Fatores envolvidos e estimação de parâmetros genéticos. **ARS Veterinária**, Jaboticabal, v. 10, n. 1, p. 15- 25, jun. 1994.
- PALHARIM, D. A.; ARAÚJO, C. V.; BITTENCOUR, T. C. B. S. C.; ARAÚJO, S. I.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Estimativas de herdabilidade para o desempenho ponderal na raça Nelore no Mato Grosso. **Scientific Electronic Archives**, UFMT, Sinop, v. 3, p. 59-62, 2013.
- SAKAGUTI, E. S.; SILVA, M. A.; QUAAS, R. L.; MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, L. O. C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de função de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 4, p. 864- 874, 2003.
- SANTOS, G. C. J.; LIRA, T. S.; PEREIRA L. S.; LOPES, F. B.; FERREIRA, J. L. Efeitos não genéticos sobre características produtivas em rebanhos Nelore criados na região norte do Brasil. **Acta Veterinária Brasileira**, Mossoró, v. 5, n. 4, p. 385 – 392, 2011.
- SANTOS, G. C. J.; LOPES, F. B.; MARQUES, E. G.; SILVA, M. C.; CAVALCANTE, T. V.; FERREIRA, J. L. Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, Maringá, v. 34, n. 1, p. 97-101, Jan.-Mar., 2012.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimension of the model. **The Annual of Statistics**, Arkansas, n.6, v.458 p.127-132, 1998.

SILVA, I. S. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise. Tese (Doutorado)- Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz” da Universidade de São Paulo, 2004.

SOUZA J. C.; SILVA L. O. C.; SIMÕES G. H.; MOSER J. T.; OSTAPECHEN J.; PINTO P. H. N.; RUVIERO V.; MALHADO C. H. M.; FERRAZ FILHO P. B.; FREITAS J. A.; SERENO J. R. B. Tendências ambientais e genéticas para características produtivas de bovinos da raça Nelore. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, ALPA, v. 16, n. 2, p. 85-90, 2008.

SOUSA JÚNIOR, S.C.; OLIVEIRA, S.M.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; BOLIGON, A.A.; FILHO, R.M.F. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.39, p.1037-1045, 2010.

TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N. et al. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.4, p.1050-1059, 2000.

WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics**, Ontario, Canadá, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

Van der WERF, J.H.J.; SCHAEFFER, L.R. **Random regression in animal breeding**. Ontario: University of Guelph, 1997. 70p. (Coursenotes).

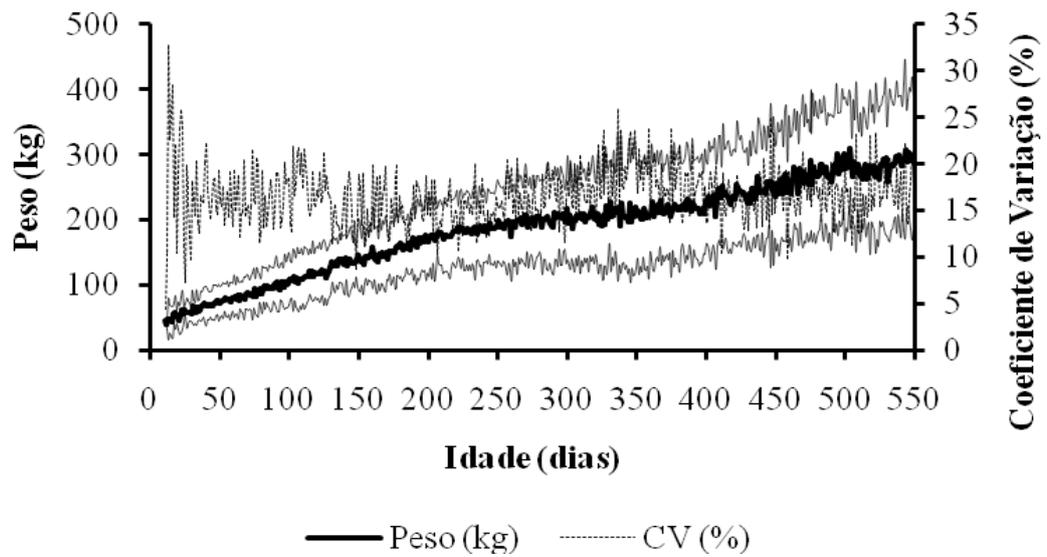
\*\*\*\*\*

**Tabela 1**-Estrutura do arquivo de dados

Características	Número
Número de touros	47
Número de touros com progênes nos dados	47
Número de vacas	636
Número de vacas com progênes nos dados	636
Número de animais com dados	2.362
Número de animais no pedigree	5.330
Número de animais com 3 registros	3.116
Número de animais com 4 registros	680
Número de animais com 5 registros	1.405
Número de animais com 6 registros	730
Número de animais com 7 a 10 registros	299
Número de Grupos de Contemporâneos	267

**Fonte:** Elaboração dos autores

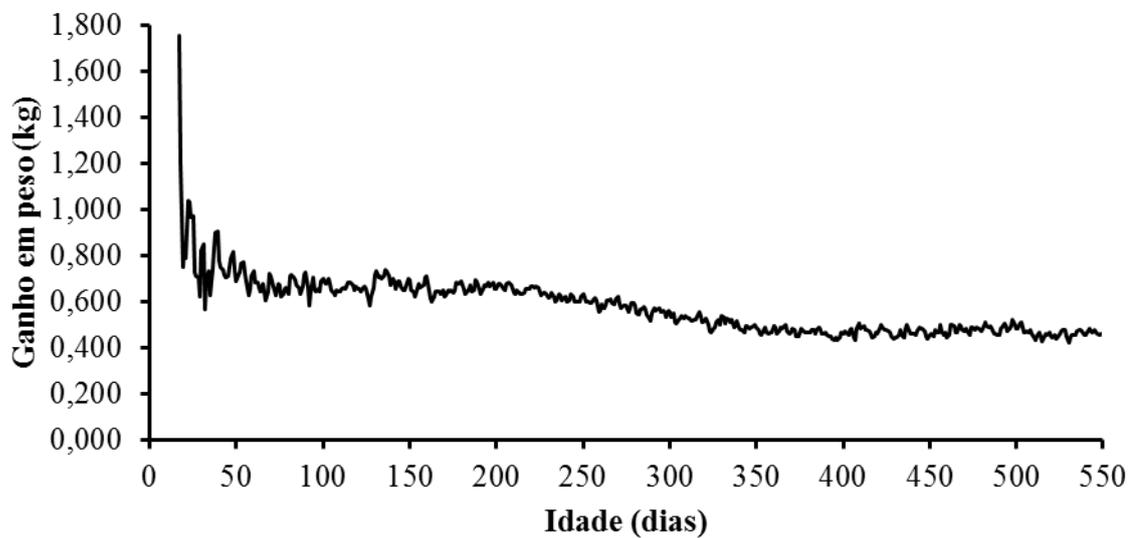
\*\*\*\*\*



**Figura 1-** Número de observações e distribuição dos pesos médios por idade de bovinos da raça Nelore, criados na região do Trópico Úmido do Brasil.

Fonte: Elaboração dos autores

\*\*\*\*\*



**Figura 2-** Distribuição dos ganhos médios em peso, de bovinos da raça Nelore, criados na região do Trópico Úmido do Brasil.

Fonte: Elaboração dos autores

\*\*\*\*\*

**Tabela 2-** Ordem dos polinômios para efeitos genéticos direto ( $k_a$ ) e materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente do animal ( $k_p$ ) e materno ( $k_c$ ), número de parâmetros (NP); logaritmo da função de verossimilhança (Log); critério de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos considerando homogeneidade de variância residual.

<b>Modelo</b>	<b><math>k_a</math></b>	<b><math>k_m</math></b>	<b><math>k_p</math></b>	<b><math>k_c</math></b>	<b>NP</b>	<b>Log(L)</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>
M3311	3	3	1	1	15	-57.744	115.519	115.566
M3322	3	3	2	2	19	-57.724	115.487	115.546
M3333	3	3	3	3	25	-57.691	115.432	115.510
M4353	4	3	5	3	38	-49.859	99.795	99.912
M4363	4	3	6	3	44	-47.305	94.699	94.835
M4364	4	3	6	4	48	-39.001	78.099	78.247
M4422	4	4	2	2	27	-57.649	115.352	115.436
M4433	4	4	3	3	33	-57.686	115.439	115.541
M4453	4	4	5	3	42	-43.425	86.934	87.064
M4454	4	4	5	4	46	-50.428	100.948	101.090
M4464	4	4	6	4	52	-47.848	95.800	95.961
<b><u>M4465</u></b>	<b><u>4</u></b>	<b><u>4</u></b>	<b><u>6</u></b>	<b><u>5</u></b>	<b><u>57</u></b>	<b><u>-38.876</u></b>	<b><u>75.610</u></b>	<b><u>75.786</u></b>
M4466	4	4	6	6	63	-40.324	80.774	80.969
M4533	4	5	3	3	38	-49.869	99.815	99.933
M4544	4	5	4	4	46	-42.023	84.138	84.281
M4555	4	5	5	5	56	-39.142	78.396	78.569

**Fonte:** Elaboração dos autores

\*\*\*\*\*

**Tabela 3-** Ordem do polinômio para efeitos genéticos direto ( $k_a$ ) e materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente do animal ( $k_p$ ) e materno ( $k_c$ ), número de parâmetros (NP); logaritmo da função de verossimilhança (Log); critério de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos considerando heterogeneidade de variância residual.

Modelo	$k_a$	$k_m$	$k_p$	$k_c$	Het.	NP	Log(L)	AIC	BIC
M3311	3	3	1	1	7	21	-57.484	115.010	115.07
M3322	3	3	2	2	7	25	-57.466	114.982	115.06
M3333	3	3	3	3	7	31	-57.439	114.940	115.03
M4253	4	2	5	3	7	41	-49.559	99.201	99.328
M4353	4	3	5	3	7	44	-39.036	78.161	78.297
M4363	4	3	6	3	7	50	-47.163	94.427	94.582
<b>M4364</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>7</b>	<b>54</b>	<b>-36.240</b>	<b>72.588</b>	<b>72.755</b>
M4422	4	4	2	2	7	33	-49.877	99.820	99.922
M4433	4	4	3	3	7	39	-57.448	114.974	115.09
M4453	4	4	5	3	7	48	-41.714	83.524	83.673
M4454	4	4	5	4	7	52	-47.236	94.576	94.737
M4464	4	4	6	4	7	58	-38.018	76.152	76.332
M4465	4	4	6	5	7	63	-36.526	73.179	73.374
M4466	4	4	6	6	7	69	-38.345	76.828	77.042
M4533	4	5	3	3	7	44	-39.002	78.092	78.228
M4544	4	5	4	4	7	52	-41.649	83.402	83.563
M4555	4	5	5	5	7	62	-37.628	75.380	75.572

**Fonte:** Elaboração dos autores

\*\*\*\*\*

**Tabela 4-** Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores ( $\lambda$ ) no modelo M4364 para os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente.

Modelo M4364 (Tabela 3)								
		0	1	2	3	4	5	$\lambda$
Genético Aditivo	0	637,67	0,88	-0,11	0,01			859,65
	1	363,69	263,30	0,13	0,19			56,85
	2	-14,36	10,86	25,80	0,42			16,11
	3	1,51	13,18	9,00	17,30			11,46
Genético Maternal	0	20,13	0,85	0,02				122,15
	1	7,94	4,33	-0,51				23,29
	2	0,87	-11,71	120,99				0,0
Ambiente permanente Animal	0	208,85	0,77	-0,26	-0,05	0,13	-0,01	340,28
	1	135,60	147,64	-0,02	-0,56	-0,34	0,18	281,95
	2	-38,34	-3,00	102,52	-0,38	-0,29	-0,32	130,31
	3	-2,48	-23,58	-13,52	11,95	0,21	0,17	31,74
	4	15,09	-33,00	-23,98	6,03	63,74	-0,48	18,41
	5	-2,62	35,84	-54,19	9,80	-62,96	268,00	0,0
Ambiente Permanente Maternal	0	143,30	-0,002	-0,48	-0,04			182,62
	1	-0,07	7,26	0,28	-0,99			61,39
	2	-57,09	7,41	99,36	-0,21			11,59
	3	-1,19	-6,42	-5,06	5,70			0,0

**Fonte:** Elaboração dos autores

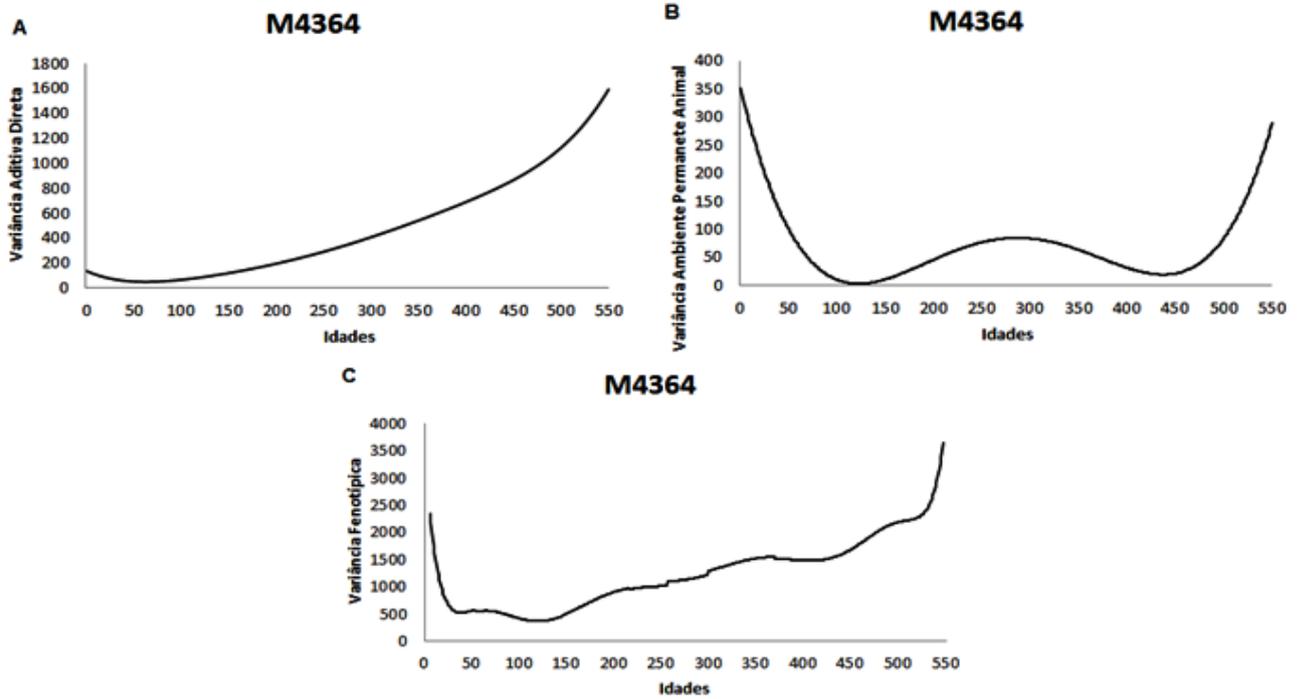
\*\*\*\*\*

**Tabela 5-** Percentual de significância da ordem dos polinômios em relação aos efeitos aleatórios, nos modelos M4364 e M4253 sob enfoque de heterogeneidade de variância residual.

<b>M4364</b>			
Ordem dos Polinômios	Efeito Direto Maternal	Efeito de Ambiente Permanente do Animal	Efeito de Ambiente Permanente Maternal
1	99,97	74,55	93,88
2	0,03	19,32	6,10
3	0,0	5,42	0,02
4		0,65	0,0
5		0,0	
6		0,0	
<b>M4253</b>			
1	100	68,12	97,90
2	0,0	24,88	2,10
3		5,57	0,0
4		1,43	
5		0,0	

**Fonte:** Elaboração dos autores

\*\*\*\*\*



**Figura 3**-Tendências das estimativas de Variância genética Aditiva Direta (A), de Ambiente Permanente do Animal (B) e Variância Fenotípica (C) sob modelos com resíduo heterogêneo (M4364).

**Fonte:** Elaboração dos autores

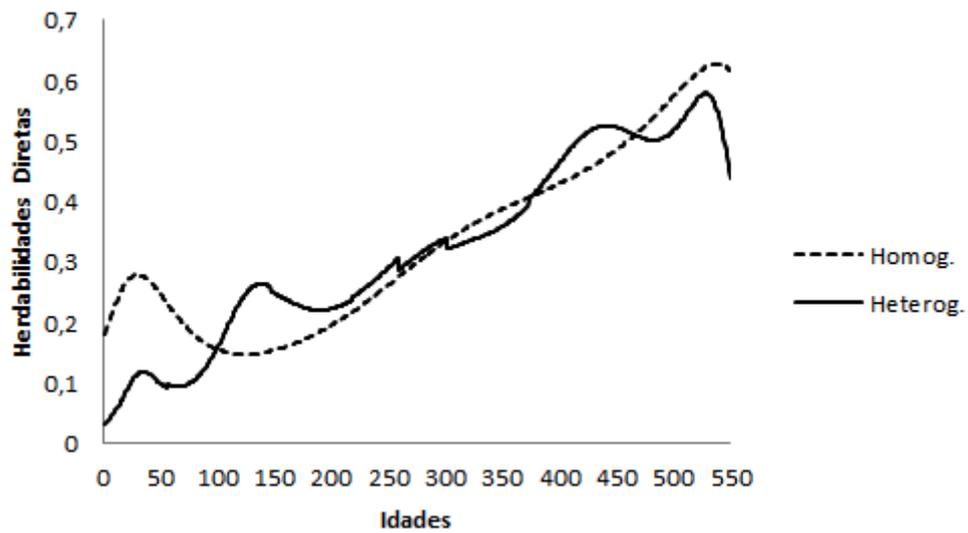
\*\*\*\*\*

**Tabela 6** - Estimativas de variâncias (diagonal) e correlações (acima da diagonal) do modelo 4364 considerando heterogeneidade de variância residual.

IDADE (dias)	210	365	450	550
120	0,93	0,78	0,73	0,62
210		0,94	0,89	0,74
365			0,97	0,81
450				0,91

**Fonte:** Elaboração dos autores

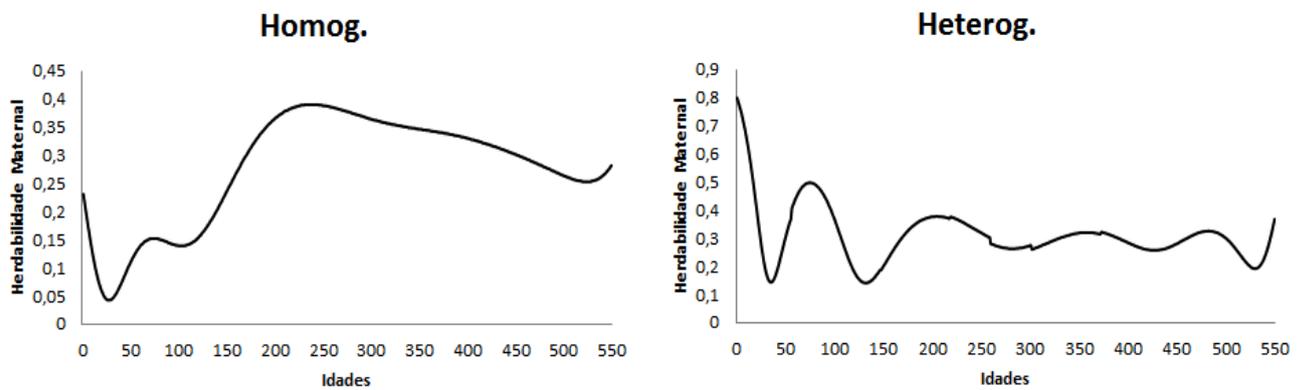
\*\*\*\*\*



**Figura 4-** Tendências das estimativas de herdabilidades direta, sob modelos com resíduo homogêneo (M4465, Tabela 2) e heterogêneo (M4364, Tabela 3).

**Fonte:** Elaboração dos autores

\*\*\*\*\*



**Figura 5-** Estimativas de herdabilidade de variância genética maternal considerando homogeneidade (modelo M4465, Tabela 2) e heterogeneidade (M4364, Tabela 3) de variância residual, respectivamente.

**Fonte:** Elaboração dos autores

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A região do Trópico Úmido do Brasil é uma grande produtora de bovinos de corte, tendo como destaque para essa grande produção os fatores edafoclimáticos favoráveis ao desenvolvimento da atividade. Os resultados obtidos por essa pesquisa denotam a importância de se considerar a heterogeneidade de variância residual com o uso da regressão aleatória, já que se observou melhor modelagem das variâncias residuais, tornando a estimação e predição dos componentes de (co)variâncias mais precisas e acuradas, e com isso se diminuindo o viés dessas estimações.

Os parâmetros genéticos obtidos foram de magnitude moderada a alta, demonstrando que nos rebanhos Nelore e Anelorados da região do Trópico Úmido do Brasil existe variabilidade genética aditiva suficiente para promover ganhos genéticos satisfatórios para o desempenho ponderal mesmo em idades iniciais por meio de seleção, contribuindo para o progresso genético do rebanho. Sendo indicada a seleção em idades iniciais nos rebanhos do Trópico Úmido do Brasil, uma vez que, poderá promover ganhos nas idades pós-desmama.

A região do Trópico Úmido tem grandes possibilidades de crescimento na produção de carne de qualidade no âmbito nacional, contudo tornar-se necessário maiores estudos na região com a finalidade aumentar a eficiência da atividade e qualidade do produto final.