

WÉVERTON JOSÉ LIMA FONSECA

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA
TABAPUÃ UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

TERESINA – PI

2017

WÉVERTON JOSÉ LIMA FONSECA

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA
TABAPUÃ UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí (UFPI) na área de Produção Animal, como requisito para obtenção do grau de Mestre em Ciência Animal.

Área de concentração: Produção Animal

TERESINA – PI

2017

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias
Serviço de Processamento Técnico

F676e Fonseca, Wéverton José Lima

Estimação de parâmetros genéticos em bovinos da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória / Wéverton José Lima Fonseca - 2017.

48 f.: il.

Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2017.

Orientação: Prof. Dr. Severino Cavalcante de Sousa Júnior

1. Gado bovino 2. Componente de variância 3. Herdabilidade 4. Polinômio de Legendre I. Título

CDD 636.2

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA
TABAPUÃ UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

WÉVERTON JOSÉ LIMA FONSECA

Dissertação Aprovada em: 03/03/2017

Banca Examinadora:



Prof. Dr. Severino Cavalcante de Sousa Júnior (Presidente) / CMRV/UFPI



Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado (Externo) / UESB



Prof. Dr. José Elivalto Guimarães Campelo (Externo) / DZO/CCA/UFPI

*Com muito Amor e carinho, à Deus, aos meus pais, **Everton da Fonseca e Sousa Neto e Rosália Lima Fonseca**, a minha avó **Gilda Pereira Lima** pelo amor, apoio e incentivo.*

*Aos meus irmãos **Wéverson Lima Fonseca e Rosane Lima Fonseca** pelo amor incondicional, amizade e carinho.*

*A minha esposa **Gleissa Mayone** pelo amor, carinho, companheirismo e força em todos os momentos difíceis.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, primeiramente, pelo amor infinito, por me dar forças para concluir mais esta etapa de minha vida.

À Universidade Federal do Piauí *Campus* Universitário Ministro Petrônio Portella pela oportunidade de realização do curso de Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal.

À CAPES, pelo apoio financeiro por meio da concessão da bolsa de estudos.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Severino Cavalcante de Sousa Júnior, por cada ensinamento dado, de vida ou profissional, fazendo de mim uma pessoa melhor, desdobrando-se em mil para que tudo corresse bem com projetos, análises, disciplinas e congressos.

Ao Diego Helcias, que sempre foi muito prestativo e atencioso, me auxiliando na execução das análises e na interpretação e organização dos resultados e gráficos.

Aos componentes da banca examinadora, Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado e Dr. Luciano Pinheiro da Silva, pela disponibilidade e valiosas sugestões que contribuíram para aprimorar este trabalho.

Aos meus amigos da Pós-Graduação, de perto e de longe, que fazem meus dias mais alegres: Amauri Felipe, Laylson Borges, Cicero Barros, Vanessa do Santos, Flora Suzane, Wellhington Paulo, Diego Helcias, Carlos Syllas, Marcelo Richelly, Luciano Sena, pelo apoio e companheirismo.

Aos Professores e colegas do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí, pelas aulas e conversas de corredor, em especial Professor Dr. José Elivalto Guimarães Campelo e Dra. Danielle Maria Machado Ribeiro Azevêdo

E a todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal – PPGCA/UFPI que de alguma forma contribuíram, direta ou indiretamente, para chegar até aqui.

Obrigado!!!

“A vida não pode ser simplesmente uma procura de riqueza, de bem-estar, de honrarias, mas constitui também uma aspiração mais profunda no interior de cada um, um desejo de vida interior e de encontro com o Senhor, que bate à porta do nosso coração para nos dar a sua vida e seu amor.”

São João Paulo II

LISTA DE TABELAS

TABELA 1. Estrutura do arquivo de dados para análise de regressão aleatória com relação ao número de registros por animal..... 44

TABELA 2. Número de parâmetros (NP), Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log (L)), critério de informação Akaike (AIC), Critério de informação Bayesiano (BIC), para modelo com classes de variância residual (CL).....45

TABELA 3. Número de parâmetros (NP), Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log (L)), critério de informação Akaike (AIC), Critério de informação Bayesiano (BIC), para modelos com variância residual heterogênea (HET).....46

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1.** Tendências nas estimativas de variância genética aditiva direta e materna, ambiente permanente direto e materno, variância residual, variância fenotípica para um modelo com variância residual heterogênea (M6333)..... 47
- FIGURA 2.** Tendências nas estimativas de herdabilidades diretas e maternas, variância de ambiente permanente direto e materno utilizando variância residual heterogênea (M6333, Tabela 3).....48

SUMÁRIO

RESUMO	x
ABSTRACT	xi
1 INTRODUÇÃO	12
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1 Parâmetros genéticos de crescimento	14
2.2 Modelos de regressão aleatória	15
2.3 Dados longitudinais	17
2.4 Funções de covariância	18
3 CONSIDERAÇÕES FINAIS	20
4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	21
5 CAPÍTULO I: Estimação de parâmetros genéticos em bovinos da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória	25
Resumo	26
Abstract	27
Introdução	28
Material e Métodos	29
Resultados e Discussão	33
Conclusões	39
Agradecimentos	40
Referências	40

RESUMO

Os modelos de regressão aleatória vêm sendo utilizados para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos de produção de leite e carne de diversas espécies, entre elas os pesos de bovinos de corte e dentre estes os de bovinos da raça Tabapuã, possibilitando trabalhar com características de curvas crescimento que são medidas repetidamente na vida do animal, denominados dados longitudinais. Esses modelos são considerados casos especiais de funções de covariância e permitem estimar diretamente os coeficientes das funções de covariância pelo método da máxima verossimilhança restrita. Foram utilizados 82.578 registros de peso dos animais do nascimento aos (P660) dias de idade de 16.359 animais da raça Tabapuã nascidos entre os anos de 1994 a 2014. O modelo de melhor ajuste de variância residual heterogênea foi o que considerou os efeitos: genético direto, genético materno, de ambiente permanente direto e o de ambiente permanente materno ajustado por polinômios de sexta, terceira, terceira e terceira ordens respectivamente (M6333), com 17 classes de variância residual heterogênea e 56 parâmetros conforme o critério (BIC), que penalizam modelos sobre-parametrizados e mais rigoroso como função do número de parâmetros estimados. O modelo de melhor ajuste para o critério (AIC), foi o que considerou os efeitos: genético direto, genético materno, de ambiente permanente direto e o de ambiente permanente materno ajustado por polinômios de sexta, terceira, quarta e terceira ordens respectivamente (M6343), composto por 17 classes de variância residual heterogênea e 60 parâmetros foi suficiente para ajustar (co)variâncias ao longo da trajetória de crescimento para este estudo. As estimativas de herdabilidade para o efeito genético direto se apresentaram variando de moderada a alta magnitudes e sugerem a possibilidade de ganhos genéticos por meio de seleção, considerando pesos até a idade adulta como critério de seleção para manutenção do tamanho adulto das fêmeas. As estimativas de herdabilidades maternas foram de baixas magnitudes de redução durante todo o intervalo, sugerindo que a seleção para este componente implicará em menor resposta do que a seleção para o efeito direto.

ABSTRACT

GENETIC EVALUATION STUDIES FOR CATTLE GROWTH CHARACTERISTICS OF TABAPUÃ RACE CATTLE EMPLOYING MODELS OF RANDOM REGRESSION

The random regression models have been used to estimate the components of variance and genetic parameters of milk and meat production of several species, among them the weights of beef cattle and of these of Tabapuã cattle, allowing to work with characteristics of Growth curves that are measured repeatedly in animal life, termed longitudinal data. These models are considered special cases of covariance functions and allow direct estimation of coefficients of covariance functions by the restricted maximum likelihood method. We used 82,578 birth weight records at (P660) days of age of 16,359 Tabapuã animals born between 1994 and 2014. The model of best fit of heterogeneous residual variance was what considered the effects: direct genetic (M6333), with 17 classes of heterogeneous residual variance and 56 parameters according to the criterion (BIC), which penalize Over-parameterized models and more rigorous as a function of the number of estimated parameters. The best fit model for the criterion (AIC) was the effects of direct genetic, maternal genetic, direct permanent environment and permanent maternal environment adjusted by sixth, third, fourth and third order polynomials respectively (M6343), Composed of 17 classes of heterogeneous residual variance and 60 parameters was sufficient to adjust (co) variances along the growth trajectory for this study. Inheritance estimates for the direct genetic effect varied from moderate to high magnitudes and suggest the possibility of genetic gains through selection, considering weights until adulthood as a selection criterion for maintenance of the adult size of the females. Estimates of maternal heritabilities were of low magnitudes of reduction over the entire range, suggesting that selection for this component will imply less response than selection for direct effect.

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, estudos de avaliações genéticas da curva de crescimento de bovinos de corte como peso corporal e medidas na fase inicial de desenvolvimento do animal, são características importantes na determinação da eficiência econômica e utilizadas nos programas de avaliação genética de reprodutores. A avaliação genética de bovinos de corte depende essencialmente, da disponibilidade das estimativas de parâmetros genéticos para as características de interesse econômico para obter a predição dos valores genéticos dos animais (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

As análises convencionais para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos dos animais da população, para características de crescimento são realizadas por meio de modelos de dimensão finita. No entanto, se faz necessário à estimativa dos componentes de covariância para a obtenção dos parâmetros e valores genéticos, e que a escolha dos métodos utilizados na estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos sejam fundamentais nas avaliações genéticas (LACERDA et al., 2014).

Os modelos de regressão aleatória, denominados modelos de dimensão infinita, estão sendo utilizados para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos de pesos de bovinos de corte. Os (MRA) têm se tornado um alternativo padrão para análises genéticas de dados longitudinais, onde um dos entraves, destes modelos está relacionado à disponibilidade de memória e tempo computacional para a realização de avaliações genéticas em larga escala (SOUSA JÚNIOR et al., 2014). O de MRA permite que a forma da curva de lactação para diferir para cada animal por inclusão de coeficientes de regressão aleatórios para cada animal. RRM é usado para a medição de dados longitudinais no indivíduo ao longo do tempo medido em trajetória. Estes modelos de proporcionar um tratamento contínuo de observação ao longo do tempo e são capazes de incorporar variâncias e covariâncias heterogêneas ao longo do tempo (LIDAUER et al, 2003).

Conforme MEYER (2000), os modelos de regressão aleatória permitem a análise de registros repetidos de características que mudam gradualmente ao longo do tempo e não requerem pressuposições quanto à constância das variâncias e correlações. Eles têm sido utilizados, no melhoramento animal, para modelar registros diários de produção de leite durante a lactação (EI FARO & ALBUQUERQUE, 2003; BREDA et al., 2006), para modelar o crescimento corporal de animais (FISCHER et

al., 2004), assim como em estudos de normas de reação, que avaliam a sensibilidade do genótipo às variações de ambiente (KOLMODIN et al., 2002).

As características de interesse para o melhoramento genético animal, mensuradas várias vezes durante a vida do animal, é definida como dados longitudinais. O modelo mais simples para essa análise consiste no modelo de repetibilidade, pressupondo-se que todas as medidas mensuradas ao longo do tempo representam a mesma característica. Esses modelos assumem premissas não realistas, uma vez que consideram que medidas no mesmo indivíduo representam uma única característica, e que as correlações entre as diversas observações obtidas do mesmo animal são iguais a um (MORRIS e AMYES, 2012).

Dessa forma, objetivou-se com esta pesquisa, apresentar o aumento de estudos de componentes de (co)variância e avaliação genética utilizando modelos de regressão aleatória para características de crescimento, e estimular a iniciativa de mais estudo em bovinos da raça Tabapuã, diante da necessidade de maiores conhecimentos sobre a capacidade produtiva destes animais.

O presente trabalho foi elaborado seguinte as normas para elaboração e apresentação de Dissertação do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí – (PPGCA/UFPI) estabelecendo os seguintes itens: CAPA; FOLHA DE ROSTO; FICHA CATALOGRÁFICA; TERMO DE APROVAÇÃO; DEDICATÓRIA E AGRADECIMENTOS; SUMÁRIO; RESUMO; ABSTRACT; INTRODUÇÃO; REVISÃO BIBLIOGRÁFICA; ARTIGO CIENTÍFICO/CAPÍTULO 1; CONSIDERAÇÕES FINAIS; REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA.

O Artigo científico referente ao Capítulo – 1 desta Dissertação será submetido a Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira (PAB), é uma publicação mensal da Embrapa, que edita e publica trabalhos técnico científicos originais, em português, espanhol ou inglês, resultantes de pesquisas de interesse agropecuário. A principal forma de contribuição é o Artigo, mas a PAB também publica Notas Científicas e Revisões a convite do Editor.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Parâmetros genéticos de crescimento

Visando estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento animal, Albuquerque e Meyer (2001), Nobre et al. (2003) e Dias et al. (2005) relataram que quanto for maior a herdabilidade para peso ao nascimento (0,26 a 0,33), diminuição nas estimativas próximo ao período da desmama (0,11 a 0,16) e, aumento dessas estimativas de acordo com a idade (0,21 e 0,25 para peso aos 570 dias de idade e 0,20 para peso aos 683 dias de idade). Pesquisas sobre peso adulto de *Bos indicus* sugerem a existência de variabilidade genética suficiente para obtenção de mudança genética nos programas de melhoramento animal com o objetivo de diminuir, aumentar ou mantê-lo constantemente (TALHARI et al., 2003; MERCADANTE et al., 2004).

De acordo com Dias et al. (2005), são vários trabalhos sobre estimação de parâmetros genéticos para as raças zebuínas, até a década de 90, a maioria das pesquisas era realizada com pequeno número de registros dos animais e os parâmetros genéticos eram estimados em idades pré-determinadas, além de não haver separação dos efeitos genéticos aditivos direto e materno. As avaliações genéticas dos componentes de (co)variância para características de crescimento, são obtidas considerando-se os pesos em idades padrão (peso ao nascer, à desmama, ao sobreano e final) ou os ganhos de peso entre duas idades, mas as estimativas de parâmetros, incluindo o efeito materno, para pesos em idades jovens em intervalo pequeno de idade são escassas na literatura (ALBUQUERQUE e MEYER, 2001).

Para que esses parâmetros sejam confiáveis, as metodologias de avaliação genética devem ser aplicadas impecavelmente para que valores genéticos preditos sejam precisos representando um instrumento eficaz na busca do progresso genético (LOPES et al., 2011). Os valores genéticos para características de crescimento em bovinos de corte são preditos e os componentes de variância são estimados considerando o peso às idades-padrão como nascimento, desmama, ao ano e ao final utilizando-se análises uni ou multicaracterísticas (ALBUQUERQUE e EI FARO, 2008).

Muita discussão entre os geneticistas de bovinos de corte, é a forma de melhorar a acurácia das avaliações genéticas existentes (SPIEDEL et al., 2010). Embora a maior parte desta discussão seja focada na incorporação de informação de

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

O aumento da cadeia produtiva considerável a bovinocultura de corte por meio do programa de melhoramento genético animal, tem sido alcançado por seleção, cruzamento e pela combinação de ambos (BUENO et al., 2012). A avaliação genética em populações formada por varia raças, alia-se as informações de todos os animais pertencentes à população em estudo como: puros e mestiços, e contempla nas análises os efeitos raciais diretos e maternos como também os efeitos de heterose (WILLIAMS et al., 2010). A precisão da predição do valor genético animal, dependerá da estimação fidedigna das médias específicas por composição racial dos desvios dos animais em relação as médias e das covariâncias entre parentes puros ou mestiços (CARDOSO e TEMPELMAN, 2004).

2.2 Modelos de regressão aleatória

Os modelos de regressão aleatória (MRA) possibilitam estimar coeficientes das funções de covariância pelo método da máxima verossimilhança restrita. Estes são adequados para análises de modelos de dados longitudinais, em virtude de suprir as deficiências dos métodos convencionais de análises genéticas quantitativas, os quais se consideram os valores fenotípicos intrinsecamente processos contínuos, como processos discretos. Os coeficientes de regressão aleatória em função do tempo são obtidos para cada animal. Os MRA permitem ajustar as curvas de crescimento para cada indivíduo e obter estruturas de variâncias e (co)variâncias entre as diferentes medidas por meio de funções de (co)variâncias para os efeitos aleatórios de interesse (SARMENTO et al., 2010).

Nos últimos anos os modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido adotados como uma técnica padrão para o estudo no que refere a análise de dados longitudinais em melhoramento genético. Atualmente essa metodologia, tem sido empregada em diversas espécies de animais domésticas como: bovinos de corte (Dias et al., 2006); e bovinos de leite (SOUSA JÚNIOR et al., 2014).

Nos MRA, considera-se as variâncias residuais heterogêneas que podem melhorar a partição da variação total, mas proporciona um aumento no parâmetro a ser estimado no processo de maximização da função de verossimilhança restrita (NETO et al., 2011). O estudo de dados longitudinais, como característica de crescimento, o uso de modelos de regressão aleatória permite a obtenção de parâmetros genéticos em qualquer idade dentro de cada intervalo considerado (SOUSA JÚNIOR et al., 2010b).

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 funções de covariância (FC) são consideradas alternativa para se trabalhar com dados longitudinais por permitirem a descrição da mudança gradual das covariâncias em função do tempo e a predição de variâncias e covariâncias para pontos ao longo da curva de crescimento (DIAS et al., 2006).

No Brasil, pesquisas utilizando modelos de regressão aleatória têm sido realizados com o objetivo de estudar características de crescimento de bovinos de corte (SOUSA JÚNIOR et al., 2012). De acordo com Sakaguti et al. (2003) estudando a raça Tabapuã, aplicaram MRA para estimar funções de (co)variância para pesos entre 365 e 650 dias de idade, entretanto, em virtude das limitações computacionais, ajustaram modelos linear e quadrático apenas para os efeitos de animal, não considerando efeitos maternos. Os autores concluíram que os modelos de regressão aleatória permitiram estimar componentes de variância em qualquer idade, além de fornecerem parâmetros adicionais úteis às avaliações genéticas de bovinos da raça Tabapuã.

Conforme Albuquerque e Meyer (2001) trabalhando realizados em rebanhos de bovinos da raça Nelore, estimaram funções de (co)variância genética utilizando esses modelos de regressão aleatória (MRA) para registros de pesos do nascimento aos 630 dias de idade e concluíram que as regressões aleatórias descreveram adequadamente as mudanças das covariâncias com a idade. Entretanto, Nobre et al. (2003) analisaram a curva de crescimento de da raça Nelore aos (683 dias de idade ao nascimento), empregando modelos multicaracterísticas e modelos de regressão

aleatória, observaram que os modelos de regressão aleatória foram mais sensíveis a problemas amostrais comparados com os modelos multicaracterísticas.

2.3 Dados longitudinais

Entre as características de interesse para o melhoramento genético animal, que são mensuradas várias vezes durante a vida do animal são consideradas como dados longitudinais. Dessa forma, o modelo mais simples para a análise de dados longitudinais consiste, basicamente, no modelo de repetibilidade, pressupondo-se que todas as medidas mensuradas ao longo do tempo representam a mesma característica. Podem ser analisadas características de interesse para o melhoramento genético animal, mensuradas repetidamente ao longo da vida do animal, como produção mensal de leite e ganho de peso, sendo estas, denominadas características repetidas no tempo ou longitudinais (SOUSA JÚNIOR et al., 2010b).

Uma alternativa consiste em considerar cada medida como uma característica diferente e realizar uma análise conjunta em um modelo multicaracterísticas, sendo esta uma abordagem frequente em análises para diversas características de interesse (FARIA et al., 2007). Tradicionalmente, tais características são avaliadas através de modelos de repetibilidade. Esses modelos assumem premissas não realistas, uma vez que consideram que medidas no mesmo indivíduo representam uma única característica, e que as correlações entre as diversas observações obtidas do mesmo animal são iguais a um (MORRIS e AMYES, 2012).

As características podem ser analisadas, por meio de modelos multicaracterísticos, assumindo-se que em cada medida de peso ajustado obtidas para idades padrões em bovinos de corte é uma característica diferente. Avaliações genéticas multicaracterísticas predizem valores genéticos para diferentes idades através da incorporação das covariâncias genéticas e residuais entre as idades (SPIEDEL et al., 2010). Outro ponto importante neste tipo de análise, é que o número de parâmetros a ser estimado cresce acentuadamente com aumento do número de características, propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais, como no caso de pesos corporais em diferentes idades, pois suas funções de (co) variância resultantes são os mais apropriados para a análise destes.

Os Modelos de Regressão Aleatória têm se tornado padrão em análises de dados advindos dos sistemas de produção animal, especialmente na última década

(HENDERSON JR. 1982; LAIRD e WARE, 1982). Esse modelo pressupõe que as variâncias genéticas e de ambiente permanente, não variam ao longo do tempo em que as correlações genéticas e de ambiente permanente entre as medidas repetidas sejam iguais à unidade. De acordo com Silva et al. (2008), é possível que um animal A seja geneticamente superior a um animal B em determinada idade, mas não em outra, no que diz respeito à característica avaliada.

Descrever Estudos realizados na área de melhoramento genético animal, verifica-se que a aplicação desta metodologia se dá, em sua maioria, na modelagem de resíduos correlacionados na avaliação de estudos de curvas de crescimento animal não lineares (PALA et al., 2005). No caso de estimação de componentes de (co)variância, a maioria das pesquisas limitam a sua utilização apenas para efeito de ambiente permanente do animal (CARVALHEIRA et al., 1998; ALBUQUERQUE e MEYER, 2001). Portanto, um pequeno número de trabalhos em que foi empregada a parametrização para a estimação de componentes genéticos, sendo utilizados em muitos deles as funções de antedependência estruturada (JAFFRÉZIC et al., 2004).

2.4 Funções de covariância

As funções de covariância (FC) podem ser definidas como uma função contínua que fornece as (co)variâncias de características medidas em diferentes pontos de uma trajetória como lactação, e ao descrever as (co)variâncias entre as medidas tomadas em determinadas idades como dias em lactação (VAN DER WERF e SCHAEFFER, 1997). De acordo com Meyer e Hill (1997) demonstraram que os coeficientes da função de (co)variância podem ser estimados a partir dos modelos de regressão aleatória. Assim, diferentes funções podem ser empregadas para ajustar a trajetória ao longo do tempo. Entre as funções paramétricas, destacam-se a função exponencial de Wilmink (Wilmink, 1987) e a função logarítmica de Ali e Schaeffer (ALI e SCHAEFFER, 1987).

Na busca por modelos de regressão aleatória (MRA) mais parcimoniosos, várias alternativas têm sido sugeridas, entre elas, a utilização de estruturas de variâncias residuais diferentes, pelo agrupamento de classes com variações residuais semelhantes ou por funções de variâncias residuais, utilizando polinômios ortogonais (PELICIONI et al., 2009). A modelagem para ajustes de peso para animais que não foram avaliados exatamente na idade-padrão e eliminação de observações coletadas

em idades distantes das consideradas padrão, são procedimentos necessários, pois o modelo considera que as observações dos diferentes animais foram coletadas exatamente na mesma idade e estão submetidas aos mesmos parâmetros de covariância (VALENTE et al., 2008).

As estimativas de funções de covariância (FC) são consideradas, até hoje, alternativas interessantes para se trabalhar com análise de dados longitudinais, e assim, permitem a descrição de mudanças das (co)variâncias em função do tempo e a predição de variâncias e (co)variâncias para pontos ao longo da curva de crescimento dos animais. As (FC) são equivalentes de “dimensão finita” da matriz de covariâncias em uma análise multivariada de “dimensão finita”, podendo ser obtida pelas matrizes de variância e covariância destes modelos, ou a partir das matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão estimados pelos modelos de regressão aleatória (MEYER, 1998).

Em estudos realizados por Kirkpatrick e Heckman (1989) apresentam vantagens dos modelos de funções de (co)variância sobre os modelos tradicionais multi-características. A primeira vantagem é que as funções de covariância produzem uma descrição para todo ponto ao longo de uma escala contínua de medidas, permitindo que as covariâncias entre idades não mensuradas sejam obtidas facilmente por interpolação. Outra vantagem é que cada função de covariância tem um conjunto de autovalores e autofunções que fornecem informações sobre a direção, na qual a curva média (crescimento, lactação, etc.) tem maior chance de ser modificada por seleção, pois apresentam maior variância genética.

A utilização dos modelos de regressão aleatória são um caso especial de funções de covariância, e permitem estimar diretamente os coeficientes das funções de covariância pelo método da máxima verossimilhança restrita (DIAS et al., 2006). Em estudos de experimento para seleção crescimento, utilizaram MRA na estimação de parâmetros genéticos para dias ao parto em fêmeas Nelore, indicando que sua aplicação aos registros de dias para o parto proporcionou análise detalhada do comportamento das covariâncias genéticas e do valor genético do desempenho reprodutivo das fêmeas no decorrer de sua vida, o que pode ser oportuno em muitos estudos (MERCADANTE et al., 2002).

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O Brasil possui a segunda maior população bovina, da espécie zebuína, do mundo tornando-se uma das mais importantes cadeias produtivas do país, o que justifica os estudos feitos e incentivos devem ser dados a continuidade destes estudos para que ocorram maiores ganhos no futuro.

Os modelos de regressão aleatória (MRA) vêm-se mostrando o procedimento padrão para análise genética de dados longitudinais ao longo das últimas décadas, possibilitam assim, trabalhar com medidas tomadas inúmeras vezes durante a vida de um indivíduo, ou seja, repetidas no tempo.

Os bovinos da raça Tabapuã ainda são pouco estudados no Brasil, e seu potencial pode estar sendo subestimado devido à falta de estudos e pesquisas com esta raça, dadas as características produtivas já observadas. Portanto, maiores estudos e esforços devem ser feitos para que trabalhos com bovinos da raça Tabapuã sejam realizados.

4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L. G. e EI 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**, v. 37, n. 2, p. 238-246, 2008.
- ALBUQUERQUE, L. G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 79, n. 11, p. 2776-2789, 2001.
- ALI, T. E.; SCHAEFFER, L. R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 67, p. 637-644, 1987.
- BREDA, F. C. et al. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de cabras da raça Alpina. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 2, p. 396-404, 2006.
- BUENO, R. S. et al. Métodos de estimação de efeitos genéticos não-aditivos para características de peso e perímetro escrotal em bovinos de corte mestiços. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 5, p. 1140-1145, 2012.
- CARDOSO, F. F.; TEMPELMAN, R. J. Hierarchical Bayes multiplebreed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 6, p. 1589-1601, 2004.
- CARVALHEIRA, J. G. V. et al. Application of an autoregressive process to estimate genetic parameters and breeding values for daily milk yield in a tropical herd of Lucena cattle and in United States Holstein herds. **Journal of Dairy Science**, vol. 81, n. 10, p. 2738-2751, 1998.
- DIAS, L. T. et al. Estimação de Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 5, p. 1915-1925, 2006.
- DIAS, L. T. et al. Estimação de Parâmetros Genéticos para Peso em Diferentes Idades para Animais da Raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1914-1919, 2005.
- EI 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.
- FARIA, C. U. et al. Bayesian inference in a quantitative genetic study of growth traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, n. 3, p. 545-551, 2007.
- FISCHER, T.M. et al. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v. 89, n. 3, p. 175-185, 2004.

GODDARD, M. E.; HAYES, B. J. Genomic selection. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, n. 6, p. 323-300, 2007.

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

JAFFRÉZIC, F. et al. Use of structures antedependence models for the genetic analysis of growth curves. **Journal Animal Science**, v. 82, p. 3465-3473, 2004.

KIRKPATRICK, M. et al. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v. 124, n. 4, p. 979-993, 1990.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, A. Quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v. 27, n. 4, p. 429-450, 1989.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculturae Scandinavica; Section A - Animal Sciences**, v. 52, n. 1, p. 11-24, 2002.

LACERDA, J. J. D. et al. Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no Estado da Bahia utilizando inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 1, p. 10-19, 2014.

LAIRD, N. M.; WARE, J. H. Random effects models for longitudinal data. **Biometrics**, v. 38, p. 963-974, 1982.

LIDAUER, M.; MANTYSAARI, E.A.; STRANDEN, I. 2003. Comparison of test-day models for genetic evaluation of production traits in dairy cattle. **Livestock Production Science**, v. 79, n. 1, p. 73-86, 2003.

LOPES, D. T. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características andrológicas de touros jovens da raça Nelore por meio da inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 12, n. 1, p. 72-83, 2011.

MERCADANTE, M. E. Z. et al. Dias ao Parto de Fêmeas Nelore de um Experimento de Seleção para Crescimento. II - Modelo de Regressão Aleatória1. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 4, p. 1726-1733, 2002.

MERCADANTE, M. E. Z. et al. Parâmetros genéticos do peso no início da estação de monta, considerando indicativo do peso adulto de matrizes Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 5, p. 1135-1144, 2004.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v. 30, n. 3, p. 221-240, 1998.

MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v. 65, n. 2, p. 19-38, 2000.

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. 185-200, 1997.

MORRIS, C. A.; AYMES, N. C. Heritability and repeatability of resistance to nematode parasites in comercial beef cattle. **Proceedings of the New Zeland Society of Animal Production**, v. 72, p. 236-239, 2012.

NETO, A. C. et al. 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, 2011.

NOBRE, P. R. C. et al. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v. 81, n. 4, p. 918-926, 2003.

PALA, A. et al. Growth curves of Turkish Saanem goats' grouped for weight and body mass index. **Archiv Tierzucht**, v. 48, n. 2, p. 185-193, 2005.

PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; QUEIROZ, S. A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzera empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 1, p. 50-60, 2009.

SAKAGUTI, E. S. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 4, p. 864-874, 2003.

SARMENTO, J. L. R. et al. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 8, p. 1723-1732, 2010.

SCHAEFFER, L.R. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 123, n. 4, p. 218-22, 2006.

SILVA, M. A.; THIÉBAUT, J. T. L.; VALENTE, B. D. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. FEPMVZ Editora. Escola de Veterinária da UFMG. 375p. 2008.

SOUSA JÚNIOR, S. C. et al. Aplicação de modelos de regressão aleatória utilizando diferentes estruturas de dados. **Ciência Rural**, v. 44, n. 11, p. 2058-2063, 2014.

SOUSA JÚNIOR, S. C. et al. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1037-1045, 2010.

SOUSA JÚNIOR, S.C. et al. Estimativas de Herdabilidades e Correlações Genéticas para Características de Crescimento da Raça Tabapuã Utilizando Modelo de Regressão Aleatória. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 12, n. 2, p. 154-157, 2010b.

SOUSA JÚNIOR, S.C. et al. Genotype by environment interaction in different birth seasons for weight at 240, 365 and 450 days of age in Tabapuã cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 10, p. 2169-2175, 2012.

SPIEDEL, S. E.; ENNS, R. M.; CREWS Jr.; D. H. Genetic analysis of longitudinal data in beef cattle: a review. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 1, p. 19-33, 2010.

TALHARI, F. M. et al. Correlações genéticas entre características produtivas de fêmeas em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 4, p. 880-886, 2003.

VALENTE, B. D. et al. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n. 2, p.389-400, 2008.

VAN DER WERF, J.; e SCHAEFFER, L. R. Random regression in animal breeding. Ontario: **University of Guelph**. p. 70, 1997.

WILLIAMS, J. L. et al. Estimation of breed and heterosis effects for growth and carcass traits in cattle using published crossbreeding studies. **Journal of Animal Science**, v. 88, n.2, p. 460-466, 2010.

WILLIAMS, J. L.; GARRICK, D. J.; SPEIDEL, S. E. Reducing bias in maintenance energy expected progeny difference by accounting for selection on weaning and yearling weights. **Journal of Animal Science**, v. 87, n. 5, p. 1628-1637, 2009.

WILMINK, J. B. M. Adjustment of test-day milk, fat and protein yields for age, season and stage of lactation. **Livestock Production Science**, v. 16, p. 335-348, 1987.

**5 CAPÍTULO I: ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA
RAÇA TABAPUÃ UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

1 **Estimação de parâmetros genéticos em bovinos da raça Tabapuã utilizando modelos de**
2 **regressão aleatória**

3
4 Wéverton José Lima Fonseca⁽¹⁾, Carlos Henrique Mendes Malhado⁽²⁾, Luciano Pinheiro da
5 Silva⁽³⁾, José Elivalto Guimarães Campelo⁽⁴⁾ e Severino Cavalcante de Sousa Júnior⁽⁴⁾

6
7 ⁽¹⁾Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia –
8 (UESB), Itapetinga, Bahia, Brasil. E-mail: fonsecaufpi@gmail.com ⁽²⁾Universidade Estadual
9 do Sudoeste da Bahia – (UESB), Departamento de Ciências Biológicas, Jequié, Bahia, Brasil.
10 E-mail: carlosmalhado@gmail.com ⁽³⁾Universidade Federal do Ceará – (UFC), Departamento
11 de Zootecnia, Fortaleza, Ceará, Brasil. E-mail: lps@ufc.br ⁽⁴⁾Universidade Federal do Piauí –
12 (UFPI), Teresina, Piauí, Brasil. E-mail: jelivalto@hotmail.com; sevzoo@yahoo.com.br

13
14 **Resumo** – O objetivo desta pesquisa foi estimar os parâmetros genéticos e componentes de
15 covariância de características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã empregando
16 modelos de regressão aleatória (MRA). Utilizou-se 82.578 registros de peso dos animais do
17 nascimento aos P660 dias de idade de 16.359 animais da raça Tabapuã nascidos entre os anos
18 de 1994 a 2014. O modelo de melhor ajuste de variância residual heterogênea foi o que
19 considerou os efeitos: genético direto e materno, de ambiente permanente direto e materno
20 ajustado por polinômios de ordens (M6333) respectivamente, conforme o critério (BIC). O
21 modelo de melhor ajuste para o critério (AIC), foi o que considerou os efeitos: genético direto
22 e materno, de ambiente permanente direto e materno ajustado por polinômios de ordens
23 (M6343) respectivamente. As estimativas de herdabilidade para o efeito genético direto
24 variaram de moderada a alta magnitudes sugerindo a possibilidade de ganhos genéticos por
25 meio de seleção, considerando pesos até a idade adulta como critério de seleção para

26 manutenção do tamanho adulto das fêmeas. O Modelo de regressão aleatória M6333 com
27 estruturas de variâncias residuais heterogêneas proporcionou melhor ajuste para descrever as
28 mudanças nas variâncias dos pesos de bovinos da raça Tabapuã oriundos do Estado da Bahia.

29 Termos para indexação: componente de variância, herdabilidade, polinômio de Legendre.

30

31 **Estimation of genetic parameters in Tabapuã cattle using random regression models**

32

33 Abstract - The objective of this research was to estimate the genetic parameters and covariance
34 components for growth traits in Tabapuã cattle using random regression models (RRM). A total
35 of 82,578 weight records from birth to 660 days of age (P660) of 16,359 animals of the Tabapuã
36 breed born between 1994 and 2014 were used. The model which best fit for heterogeneous
37 residual variance was the one which considered the effects: direct genetic, maternal genetic,
38 direct and maternal permanent environment adjusted by order polynomials (M6333),
39 respectively, according to the Bayesian information criterion (BIC). The best fit model for the
40 Akaike information criterion (AIC) was the one which considered the effects: direct genetic,
41 maternal genetic, direct and maternal permanent environment adjusted by order polynomials
42 M6343, respectively. Heritability estimates for the direct genetic effect ranged from moderate
43 to high magnitudes, suggesting the possibility of genetic gains by selection, considering weights
44 until adulthood as a selection criterion for maintenance of the adult size of females. The random
45 regression model M6333 with structures of heterogeneous residual variances provided a better
46 fit to describe changes in the variances of weights of Tabapuã cattle from the State of Bahia.

47 Index terms: heritability, Legendre polynomial, variance component.

48

Introdução

49

50

51 No melhoramento genético, os valores genéticos dos animais são preditos por meio de
52 dados fenotípicos e de pedigrees, com uso da metodologia dos modelos mistos, a fim de buscar
53 alternativas para melhorar os ganhos genéticos (Pértille et al., 2016). O principal objetivo do
54 programa de melhoria da raça é a seleção de pais e mães com a maior brevidade superiores para
55 trazer uma melhoria genética mais rápida. Os inquéritos efetuados no melhoramento genético
56 de gado, indicam que a avaliação genética e a seleção de touros trazem cerca de 68% a 75% de
57 melhoramento genético realizado (Singh et al., 2016).

58 Os modelos de regressão aleatória, denominados modelos de dimensão infinita, são
59 frequentemente usados como uma alternativa para análise multi-traço convencional para
60 estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos de pesos de bovinos, obtidos em
61 diferentes idades. Na análise de dados de programas de melhoramento genético, os modelos de
62 regressão aleatória foram usados para modelar características medidas repetidamente durante a
63 vida do animal e que mudam gradualmente ao longo do tempo e não requerem pressuposições
64 quanto à constância das variâncias e correlações (Dornelles et al, 2016).

65 O uso dos modelos de regressão aleatória tem sido amplamente utilizado para estimação
66 de parâmetros genéticos para modelar características de crescimento em bovinos de corte,
67 resultando em maior precisão das previsões, devido à eliminação de ajuste dos dados, à inclusão
68 de todos os pesos e ao uso de covariâncias apropriadas. Dessa forma, os modelos de regressão
69 aleatória (MRA) são mais apropriados para a análise genética do crescimento, além de não
70 depender da padronização do peso, permite incluir todos os registros disponíveis fornecendo
71 parâmetros genéticos para todas as idades consideradas (Passafaro et al., 2016).

72 A falta de um modelo mais adequado para a ordem de melhor ajuste para a função
73 utilizada, entretanto, a modelagem do resíduo e a ordem de ajuste dos polinômios de Legendre

74 podem influenciar erroneamente a partição dos efeitos aleatórios, em seus componentes
75 genéticos e ambientais devido aos efeitos no modelo de análise. Na literatura, estudos que
76 usaram os (MRA) e compararam modelos com classes de variância homogênea e heterogênea,
77 propuseram-se o uso de variâncias residuais heterogêneas por classe, devido encaixar os dados
78 na mesma ordem de coeficientes como polinômios ortogonais de Legendre (Cho et al., 2016).

79 Em geral, os modelos com polinômios de Legendre, com diferentes ordens, são
80 comparados para o ajuste de efeitos aleatórios como os genéticos e de ambiente permanente, e
81 as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória são utilizadas para obtenção das
82 funções de covariância (Toral et al., 2014). Os polinômios de Legendre até a ordem cúbica são
83 utilizados para a modelagem das trajetórias médias de crescimento dos animais. Diferenças de
84 ordens de ajustes das trajetórias médias influenciam as funções de (co)variância, mas pouca
85 atenção tem sido dada ao ajuste deste efeito (Scalez et al., 2014).

86 O objetivo do presente trabalho foi estimar os componentes de variância e os parâmetros
87 genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã oriundos do Estado
88 da Bahia, empregando-se modelos de regressão aleatória, ajustado por funções polinomiais de
89 Legendre.

90

91 **Material e Métodos**

92

93 Foram utilizados 82.578 registros de peso dos animais do nascimento aos 660 (P660)
94 dias de idade de 16.359 animais da raça Tabapuã nascidos entre os anos de 1994 a 2014. Os
95 dados analisados foram disponibilizados pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu
96 (ABCZ) de bovinos da raça Tabapuã, pertencentes aos rebanhos do Estado da Bahia, incluídos
97 no sistema de controle do desenvolvimento ponderal (CDP) dessa Associação.

98 Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos por concatenação de fontes de
99 variação ambiental, tais como: sexo, ano de nascimento, mês de nascimento, ano da pesagem,
100 mês da pesagem, regime alimentar e condições de criação. Os animais com menos de três
101 registros de peso e/ou grupos de contemporâneos com menos de três animais foram eliminados.
102 O arquivo final continha 16.359 animais de 368 reprodutores e 4.965 matrizes, distribuídos em
103 4.582 grupos de contemporâneos. A Tabela 1 resume a estrutura geral dos dados para análise
104 de regressão aleatória com relação ao número de registros por animal.

105 Foram considerados na avaliação dos efeitos fixos: sexo, ano, estação do parto, fazenda
106 de nascimento e a idade da vaca ao parto como (covariável), considerando os efeitos (com
107 efeitos lineares e quadráticos), que juntos deram origem os grupos de contemporâneos (GC). E
108 como efeitos aleatórios foram considerados: efeitos genéticos (aditivo direto), efeitos genéticos
109 (aditivo materno); efeitos ambientais permanentes, (direto) e efeitos ambientais permanentes
110 (materno).

111 Avaliou-se a modelagem da variância residual, por meio de diferentes estruturas para o
112 modelo [M3333-1,2,3,4,5...16,17,18,19,20], em que [M] = modelo, [3] = efeito genético aditivo
113 direto elevado a terceira ordem do polinômio, [3] = efeito genético aditivo materno elevado à
114 terceira ordem, [3] = efeito de ambiente permanente direto elevado ao cubo, [3] = efeito de
115 ambiente permanente materno elevado ao cubo, sendo que os últimos números do modelo
116 [1,2,3,4,5...16,17,18,19,20] = representam as classes de variância residual que foram agrupadas
117 ao modelo testado contendo no total 20 classes de idade, com o intuito de encontrar o melhor
118 modelo conforme a (Tabela 2).

119 A modelagem da variância residual foi considerada heterogênea por meio de dezessete
120 classes de idade: 1 a 20, 21 a 30, 31 a 40 a 41 a 50, 51 a 100, 101 a 140, 141 a 190 a 191 a 220,
121 221 a 260, 261 a 300, 301 a 360, 361 a 390, 391 a 420, 421 a 490, 491 a 540, 541 a 590 e 591
122 a 660 dias de idade, respectivamente. Os polinômios ortogonais de Legendre foram usados para

123 ajustar a curva de crescimento da população média à idade. O modelo de regressão aleatória
 124 geral pode ser dado por:

125

$$126 \quad y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} b_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_M-1} \gamma_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_C-1} \delta_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_Q-1} \rho_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

127

128 Em que, $y_{ij} = j^{\text{ésimo}}$ peso do $i^{\text{ésimo}}$ animal; $F =$ refere-se a um conjunto de efeitos fixos; $b_m =$
 129 coeficiente de regressão de efeito fixo da curva média da variável na população; $\phi_m(t_i) =$ é a
 130 função polinômial de Legendre para a curva de crescimento populacional média de acordo com
 131 a idade padronizada; $\phi_m(t_{ij}) =$ é o polinômio de Legendre das trajetórias da curva de crescimento
 132 do $j^{\text{ésimo}}$ animal de acordo com a idade; (t_i) , para os efeitos aleatórios genético aditivo direto,
 133 aditivo materno, ambiente permanente direto e materno; com efeitos aleatórios genéticos
 134 aditivo direto e materno e permanentes efeitos ambientais direto e materno; $\alpha_{jm}, \gamma_{jm}, \delta_{jm}, \rho_{jm} =$
 135 são os coeficientes de regressão genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente
 136 direto e materno, respectivamente, para cada animal; k_b, k_A, k_M, k_C e $k_Q =$ são as ordens de ajuste
 137 dos polinômios de Legendre para efeitos incluídos no modelo; $\varepsilon_{ij} =$ é o erro aleatório associado
 138 à $i^{\text{ésima}}$ idade do $J^{\text{ésimo}}$ animal.

139

140 Na forma matricial, o modelo com suas respectivas pressuposições pode ser descrito
 141 como:

142

$$143 \quad Y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2\gamma + W_1\delta + W_2\lambda + \varepsilon$$

$$\begin{matrix} 144 \\ 145 \end{matrix}
 \mathbf{V} \begin{bmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \delta \\ \lambda \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{K}_A \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{K}_M \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{K}_C \otimes \mathbf{I}_{N_a} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \mathbf{K}_Q \otimes \mathbf{I}_{N_m} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix};$$

146 Em que, Y = vetor de observações; β = vetor de efeitos fixos; α = vetor aleatório dos
 147 coeficientes genéticos aditivos diretos; γ = vetor aleatório dos coeficientes genéticos aditivos
 148 maternos; δ = vetor de coeficientes de ambiente permanente direto; λ = vetor de coeficiente de
 149 ambiente permanente materno; X , Z_1 , Z_2 , W_1 , W_2 = são as matrizes de incidência
 150 correspondentes; K_A , K_M , K_C e K_Q = são as matrizes de variâncias e covariâncias entre os
 151 coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de
 152 ambiente permanente direto e materno, respectivamente; A = matriz de parentesco; I = matriz
 153 identidade; N_a e N_m = são os números de animais com dados e número de mães,
 154 respectivamente; R = matriz de variâncias residuais; ε = vetor de resíduos.

155 As estimações dos componentes de (co)variância foram estimadas pelo método da
 156 máxima verossimilhança restrita, utilizando o Software WOMBAT (MEYER, WOMBAT,
 157 2007), ajustando-se os polinômios ortogonais de Legendre para modelar os efeitos genéticos
 158 aditivos direto e materno, de ambiente permanente direto e materno de modo que 8 modelos
 159 foram avaliados com ordem variando de (terceira a sexta) para determinar a ordem mínima
 160 necessária para descrever as estruturas de covariâncias em função do tempo nos modelos de
 161 regressão aleatória.

162 Os diferentes modelos foram comparados pelo critério de informação de Akaike – AIC
 163 (AKAIKE, 1974) e informação Bayesiana de Schwartz's Critério – BIC (SCHWARZ, 1978):

164

165

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

166 $BIC = -2\log L + k \times p$, sendo $k = \log(n)$.

167

168 Onde $\log L$ é o logaritmo natural do valor máximo de função de verossimilhança, p é o
169 número de parâmetros no modelo, k é uma constante, e n é o número das observações. Estes
170 critérios permitem a comparação de modelos não ajustados e penalizam modelos sobre-
171 parametrizados, sendo o BIC especialmente rigoroso nestes casos (WOLFINGER, 1993;
172 NÚÑEZ-ANTÓN & ZIMMERMAN, 2000). Os modelos mais adequados foram considerados
173 os que apresentaram valores mais baixos de AIC e BIC.

174

175 **Resultados e Discussão**

176

177 Quando se considerou a heterogeneidade de variância residual, para modelos de
178 regressão aleatória utilizando funções polinomiais de Legendre, primeiro exige a definição da
179 ordem de ajuste mais adequada para cada efeito aleatório incluído no modelo. Para permitir um
180 estudo detalhado, um modelo que encaixava apenas a ($k_a = 3$; $k_m = 3$; $k_c = 3$ e $k_q = 3$) em que k
181 = M3333 com quatro números se referem a ordem de ajuste para k_a , k_m , k_c e k_q , respectivamente,
182 com 17 classe de variância residual e 41 parâmetros com este modelo correspondendo a uma
183 repetibilidade, assim, obtendo o pior ajuste no modelo para todos os critérios utilizados,
184 sugerindo que este modelo é inadequado (Tabela 3).

185 O uso de modelos de regressão aleatória ajustado por funções polinomiais de Legendre
186 requer a definição da ordem mais apropriada para cada efeito aleatório considerado no modelo
187 de análise. De acordo com os critérios de informações de Akaike (AIC) e Bayesiano de
188 Schwartz's (BIC), o modelo com ordens (M6333) para efeitos genético aditivo direto e materno,
189 de ambiente permanente direto e materno, respectivamente, com 17 classes de variância
190 residual e 56 parâmetros apresentaram o melhor ajuste global de variância residual heterogênea

191 conforme o critério (BIC), que penalizam modelos sobre-parametrizados e mais rigoroso como
192 função do número de parâmetros estimados (Tabela 3).

193 De acordo com os valores de Log (L), o modelo (M6353) para efeitos genético aditivo
194 direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, respectivamente, composto por 17
195 classes de variância residual e 65 parâmetros proporcionaram o melhor ajuste do modelo
196 analisado (Tabela 3). Dentre os modelos de regressão aleatória que incluíram o efeito genético
197 materno, o modelo com ordens (M6333) foi o mais parcimonioso. De modo geral, espera-se
198 que modelos de regressão aleatória mais parametrizados tenham maiores resultados de Log (L),
199 entretanto, isso nem sempre ocorreu, considerando o elevado número de características, a
200 exigência computacional e a dificuldade de se atingir a convergência.

201 De acordo com os resultados utilizando o critério de informação de Akaike (AIC), o
202 modelo com ordens (M6343) para efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente
203 permanente direto e materno, respectivamente, composto por 17 classes de variância residual
204 heterogênea e 60 parâmetros foi suficiente para ajustar (co)variâncias ao longo da trajetória de
205 crescimento para este estudo (Tabela 3). O AIC pode ser empregado para comparar modelos
206 com os mesmos efeitos fixos, com diferentes estruturas de variância. Assim, o AIC e BIC
207 consideram a falta de ajuste e número de parâmetros estimados no modelo, tornando melhores
208 ajustes de dados os modelos com menores valores de AIC e BIC que serão escolhidos.

209 De acordo com Ferreira et al. (2015), a modelagem da variância residual ao longo da
210 curva decrescimento é necessária para se obter estimativas de parâmetros precisos, sem
211 preconceitos devido aos efeitos genético aditivo direto e materno e efeitos de ambiente
212 permanente direto e materno, evitando erros na classificação genética dos animais. A partição
213 dos efeitos aleatórios, separando os efeitos genéticos e de ambiente direto e materno, é essencial
214 para modelar corretamente as mudanças nas variâncias. O modelo utilizado para a variância
215 residual e as ordens de ajuste dos polinômios podem interferir na estimação dos componentes

216 de variância, assim, considerar estrutura heterogênea de variância residual é mais adequado
217 para ajustar dados longitudinais (Dias et al., 2006).

218 É importante ressaltar que, a partir da função de variâncias de sétima ordem, não houve
219 convergência para os polinômios de Legendre, mesmo quando as análises foram reiniciadas
220 com diversos valores para os parâmetros estimados ou por meio de diferentes métodos de busca
221 do máximo da função, com Aireml, Bad, Cycle, Emalg, Powell, Pxem, Pxai ou Simplex.
222 Relatos de dificuldade de convergência não pode ser alcançado quando os modelos incluíram
223 um grande número de parâmetros (Arango et al., 2004; Boligon et al., 2010). Outros estudos
224 indicaram que ordens superiores proporcionaram um melhor ajuste, mas aumentou exigências
225 e a dificuldades de convergência (Kirkpatrick et al., 1994).

226 As estimativas de variância genética aditiva direta obtidas por análises de regressão
227 aleatória, aumentaram em função da idade dos animais apresentando a mesma tendência desde
228 ao nascimento aos 660 dias de idade, sugerindo uma resposta positiva às seleções durante todo
229 o período estudado, respectivamente (Figura 1). De acordo com Dias et al. (2006) também
230 relataram que as variâncias aumentaram com a idade para bovinos da raça Tabapuã. Assim,
231 pesos obtidos desde o nascimento até os 660 dias de idade possuem alta variabilidade genética
232 para ganho de peso, permitindo boas respostas à seleção (Albuquerque & Meyer, 2001; Nobre
233 et al., 2003; Boligon et al., 2010; Sousa Júnior et al., 2010).

234 As estimativas da variância genética aditiva materna obtidas com análise de regressão
235 aleatória apresentaram ligeiras oscilações, com um pequeno aumento no final da curva do
236 nascimento até os 660 dias de idade (Figura 1). Vários autores relataram em seus estudos que
237 variância genética materna apresentaram aumento no período do nascimento, com leve
238 tendência de queda nas idades futuras, voltando a aumentar no final do período estudado
239 (Boligon et al., 2010; Sousa Júnior et al., 2010). Comportamento semelhante ao obtido no
240 presente estudo, Albuquerque & Meyer (2001) observaram, em bovinos da raça Nelore, que as

241 estimativas de variância genética materna aumentaram até os 150 dias de idade, mantendo-se
242 praticamente constantes após os 240 dias de idade.

243 As estimativas das variâncias para os efeitos de ambiente permanente animal, foi
244 observado aumento nas estimativas em função da idade, entretanto, esse aumento foi mais
245 acentuado na fase final de crescimento (Figura 1). O aumento das estimativas de variância de
246 ambiente permanente de animal para pesos a partir da desmama também foram relatados por
247 (Albuquerque & Meyer, 2001; Dias et al., 2006; Boligon et al., 2010; Baldi et al., 2010).
248 Tendências semelhantes foram relatadas por Meyer (1999) em que analisando informações de
249 fêmeas cruzadas, da desmama à maturidade, observou-se que para idades extremas pode haver
250 falhas de estimação dos parâmetros devido a problemas no arquivo de dados, superestimando
251 valores, como no caso da variância de ambiente permanente animal.

252 As estimativas das variâncias para os efeitos de ambiente permanente materno
253 mostraram-se um comportamento com oscilações refletindo no início e no final do período
254 estudado mostrando redução no final da curva do nascimento os 660 dias de idade e tornando-
255 se nulas em idades mais avançadas (Figura 1). Diferentes dos resultados obtidos no presente
256 estudo para esses efeitos, a variância genética materna aumentou do nascimento até próximo
257 aos 200 dias de idade, com leve tendência de queda nas idades futuras, assim, voltando a
258 aumentar no final do período estudado do nascimento aos 660 dias de idade em bovinos da raça
259 Tabapuã (Sousa Júnior et al., 2010). Resultados semelhantes foram relatados também por
260 (Albuquerque & Meyer, 2001; Nobre et al., 2003; Dias et al., 2006).

261 As estimativas de variância residual apresentaram-se comportamento com maiores
262 oscilações do nascimento no início e apresentando menor magnitude no final do período
263 estudado com tendência a ser ligeiramente menor, como esperado, devido ao maior número de
264 parâmetros na função a serem estimados (Figura 1). Comportamento diferentes foram relatados
265 por Boligon et al. (2009) e Costa et al. (2011) no qual as estimativas de variância residual para

266 os pesos pós-desmama foram mais altas em idades posteriores, como é o caso do peso adulto.
267 Melhores estimativas da variância residual para cada classe são esperadas à medida que as
268 amplitudes de idades nas classes são reduzidas, desde que as reduções dos números de
269 observações nas classes não sejam proporcionais (Toral et al., 2009).

270 As estimativas de variâncias fenotípicas estimadas pelo modelo de regressão aleatória
271 apresentaram-se altas magnitudes gradativas durante todo o intervalo estudado, observando que
272 as variâncias fenotípicas mostraram um acréscimo mais acentuado até as idades mais avançadas
273 (Figura 1). Resultados semelhantes foram relatados por Nobre et al. (2003) e Meyer (2005) os
274 quais relataram que maiores estimativas de variâncias fenotípicas usando modelos de regressão
275 aleatória via polinômios de Legendre, foram obtidas em idades mais avançadas. Dessa forma,
276 também utilizando modelos de regressão aleatória para peso dos 2 aos 8 anos de idade de
277 bovinos das raças Angus, Hereford e F1, também relataram o aumento nas estimativas obtidas
278 em idades mais elevadas conforme (Arango et al., 2004).

279 No presente estudo, as estimativas de herdabilidade direta usando modelos de regressão
280 aleatória, as médias se apresentaram com maiores valores nos extremos do intervalo estudado.
281 A superestimação da herdabilidade direta no início da trajetória é decorrente dos maiores
282 valores de herdabilidade direta. Entretanto, esses resultados mostraram-se que os valores de
283 herdabilidade direta quanto ao peso, em bovinos Tabapuã, foram de média a alta magnitude,
284 indicando que a seleção para aumentar o peso dos animais pode resultar no incremento da média
285 dessa característica (Figura 2). Dessa forma, em modelos considerando pesos até a idade adulta,
286 a herdabilidade direta apresentam médias variando de 0,38 (3 anos de idade) a 0,78 (7 anos de
287 idade) (Arango et al., 2004).

288 De acordo com Meyer (1999) relatou maiores oscilações nas estimativas de
289 herdabilidade direta nas extremidades do período estudado, ou seja, 0,57 e 0,42 (2 anos de
290 idade) e 0,37 e 0,49 (10 anos de idade) para pesos de fêmeas das raças Polled Hereford e

291 Wokalup, respectivamente. Vários autores relataram também em seus trabalhos que foram
292 encontrados valores de herdabilidade direta altos no peso ao sobreano, entretanto, esses autores
293 não consideraram os efeitos maternos no modelo de análise, podendo produzir estimativas de
294 variância genética direta mais altas e, como resultado, estimativas de herdabilidade direta
295 também mais altas (Sakaguti et al., 2003; Laureano et al., 2011).

296 As médias a posteriori da estimativa de herdabilidade do efeito materno apresentaram-
297 se baixas magnitudes de redução durante todo o intervalo (Figura 2). Os resultados sugerem
298 que a seleção para este componente implicará em menor resposta do que a seleção para o efeito
299 direto. Conforme Dias et al (2006), relataram em sua pesquisa que os efeitos maternos começam
300 a diminuir antes da fase de desmame e maior resposta à seleção para habilidade materna pode
301 ser esperada caso a seleção seja realizada com base nos pesos do período pré-desmama, em que
302 neste período, as estimativas de variância genética materna e herdabilidade são maiores.
303 Tendências semelhante para esse efeito foram relatadas por (Albuquerque & Meyer, 2001;
304 Nobre et al., 2003; Sousa Júnior et al., 2010; Boligon et al., 2010).

305 As estimativas de variância de ambiente permanente direto como proporção das
306 variâncias fenotípicas totais estimadas, aumentaram com a idade, com magnitude maior no
307 início do período de crescimento, expressando estimativas mais elevadas, e em seguida, foram
308 reduzindo até o final do intervalo (Figura 2). Vários autores relataram incremento na variância
309 de ambiente permanente animal, como proporção da variância fenotípica no final do período
310 estudado, entretanto, proporcionando maiores oscilações no início e uma pequena redução no
311 final do período estudado (Baldi et al., 2010; Boligon et al., 2010). Comportamentos similares
312 para o efeito de ambiente permanente animal em avaliações de trajetórias de crescimento de
313 bovinos da raça Nelore foram relatados por (Albuquerque & Meyer, 2001).

314 De acordo com Dias et al. (2006), a partição do efeito direto e genético e de ambiente
315 permanente de animal nas análises de regressão aleatória, em geral, exige ordens maiores dos

316 polinômios para o efeito de ambiente permanente de animal, o que pode resultar em problemas
317 de modelagem. Vários estudos têm mostrado na literatura que, para a modelagem das mudanças
318 nas variâncias de ambiente permanente de animal com a idade, são necessários polinômios de
319 Legendre de ordem elevada, levando ao aumento do número de parâmetros no modelo e por
320 problemas de amostragens (Brotherstone et al., 2000). Além disso, a variação do número de
321 observações em cada idade e as diferenças nos intervalos de mensurações, para cada animal,
322 também podem ser responsáveis por tal necessidade (Toral et al., 2014).

323 As estimativas de variância ambiente permanente materno como proporção da variância
324 total foram de baixa magnitudes, com exceção do início do período estudado, mostrando pouca
325 relevância da estimativa desta variância dentro dos dados avaliados, mas respaldam sua
326 inclusão na análise do peso (Figura 2). A exclusão dos efeitos materno pode implicar na
327 superestimação dos valores de herdabilidade e, posteriormente, ocasionar alterações dos valores
328 genéticos preditos (Nobre et al., 2003). De acordo com Boligon et al. (2009) relataram que a
329 estimativa da variância de ambiental permanente materna foram máximas no nascimento, e
330 partir daí diminuiu permanecendo constante até os 660 dias de idade. Resultados encontrados
331 no presente trabalho foram semelhantes aos observados por (Albuquerque & Meyer, 2001; Dias
332 et al., 2006; Boligon et al., 2010).

333

334

Conclusões

335

336 1. O Modelo de regressão aleatória de ordem seis, três, três e três (M6333) com
337 estruturas de variâncias residuais heterogêneas se ajusta para descrever mudanças nas
338 variâncias dos pesos do nascimento aos 660 dias de idade bovinos da raça Tabapuã do Estado
339 da Bahia.

340 2. A raça Tabapuã criada em rebanhos na Bahia onde a estação seca do ano é longa,
341 apresenta estimativas da variância de ambiente permanente de animal crescente de forma
342 gradativa com o aumento da idade.

343 3. Maior resposta à seleção para crescimento pode ocorrer quando for realizada nos
344 pesos após a desmama. A seleção para maior habilidade materna será mais eficiente quando
345 realizada em pesos próximos à desmama.

346

347

348

Agradecimentos

349

350 À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – (CAPES), pelo
351 apoio financeiro, à Associação Brasileira de Criadores de Zebu – (ABCZ), e ao Dr. Carlos
352 Henrique Mendes Malhado, pela concessão dos dados que compõe a este trabalho.

353

354

Referências

355

356 AKAIKE, H. A new look at statistical model identification. *IEEE Trans. On Automatic*
357 *Control*, **Notre Dame**, v.19, n.6, p.716-723, 1974. DOI: 10.1109/TAC.1974.1100705.

358

359 ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from
360 birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, n.11, p.2776-
361 2789, 2001. Doi:10.2527/2001.79112776x.

362

363 ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VANVLECK, L.D. Covariance functions and random
364 regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, n.1; p.54-
365 67, 2004. Doi:10.2527/2004.82154x.

366

367 BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. Random regression models on
368 Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in
369 Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, n.4, p.289-299, 2010.
370 Doi: 10.1111/j.1439-0388.2010.00853.x.

371

- 372 BOLIGON, A.; MERCADANTE, M.E.Z.; FORNI, S.; LÔBO, R.B.; ALBUQUERQUE, L.G.
373 Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of**
374 **Animal Science**, v.88; n.1; p.849–859, 2010. Doi:10.2527/jas.2008-1511.
375
- 376 BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.; LÔBO, R.B.
377 Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça
378 Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009.
379 <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982009001200005>.
380
- 381 BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. Genetic modeling of daily milk yield
382 using orthogonal polynomials and parametric curves. **Journal of Animal Science**, v.70, n.3,
383 p.407-415, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1357729800051754>.
384
- 385 CHO, C.I.; ALAM, M.; CHOI, T.J.; CHOY, Y.H.; CHOI, J.G.; LEE, S.S.; CHO, K.H.
386 Models for Estimating Genetic Parameters of Milk Production Traits Using Random
387 Regression Models in Korean Holstein Cattle. **Australians Journal Of Animal Science**,
388 v.29, n.5, p.607-614, 2016. <http://dx.doi.org/10.5713/ajas.15.0308>.
389
- 390 COSTA, R.B.; MISZTAL, I.; ELZO, M.A.; BERTRAND, J.K.; SILVA, L.O.C.;
391 LUKASZEWICS, M. Estimation of genetic parameters for mature weight in Angus cattle.
392 **Journal of Animal Science**, v.89, n.9, p.2680-2686, 2011. Doi: 10.2527/jas.2010-3574.
393
- 394 DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R.A. Estimação de
395 Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para
396 animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de**
397 **Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006. [http://dx.doi.org/10.1590/S1516-](http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982006000700006)
398 [35982006000700006](http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982006000700006).
399
- 400 DORNELLES, M.A.; RORATO, P.R.N.; GAMA, L.T.L.; BREDAS, F.C.; BONDAN, C.;
401 EVERLING, D.M.; MICHELOTTI, V.T.; FELTES, G.L. Random regression models using
402 different functions to estimate genetic parameters for milk production in Holstein Friesians.
403 **Ciência Rural**, v.46, n.9, p.1649-1655, 2016. [http://dx.doi.org/10.1590/0103-](http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20150473)
404 [8478cr20150473](http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20150473).
405
- 406 FERREIRA, J.L.; LOPES, F.B.; PEREIRA, L.S.; NEPOMUCENO, L.L.; GARCIA, J.A.S.;
407 LÔBO, R.B.; SAINZ, R.D. Estimation of (co)variances for growth traits in Nelore cattle
408 raised in the Humid Tropics of Brazil by random regression. **Semina**, v.36, n.3, p.1713-1724,
409 2015. DOI: 10.5433/1679-0359.2015v36n3p1713.
410
- 411 KIRKPATRICK, M.; HILL, W.G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of
412 traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetic Research**,
413 v.64, n.1; p.57-69, 1994. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0016672300032559>.
414
- 415 LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.;
416 ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas de crescimento e
417 reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e**
418 **Zootecnia**, v.63, n.1, p.143-152, 2011. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-09352011000100022>.
419

- 420 MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning
421 growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116,
422 n.3 p.181-205, 1999. DOI: 10.1046/j.1439-0388.1999.00193.x.
- 423
424 MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal of**
425 **Animal Breeding and Genetics**, v.122, n.2, p.73-85, 2005. DOI: 10.1111/j.1439-
426 0388.2005.00503.x.
- 427
428 MEYER, K.; WOMBAT. A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by
429 restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science**, v.8, n.11,
430 p.815-821, 2007. Doi: 10.1631/jzus.2007.B0815.
- 431
432 NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J.K , SILVA, L.O, LOPES,
433 P.S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression
434 models. **Journal of Animal Science**, v.81, n.4, p.918-926, 2003. Doi:10.2527/2003.814918x.
- 435
436 NÚÑEZ-ANTÓN, V.; ZIMMERMAN, D.L. Modeling nonstationary longitudinal data.
437 **Biometrics**, v.56, n.3, p.699-705, 2000. DOI: 10.1111/j.0006-341X.2000.00699.x.
- 438
439 PASSAFARO, T.L.; FRAGOMENI, B.O.; GONÇALVES, D.R.; MORAES, M.M.; TORAL,
440 F.L.B. Análise genética do peso em um rebanho de bovinos Nelore. **Pesquisa Agropecuária**
441 **Brasileira**, v.51, n.2, p.149-158, 2016. DOI: 10.1590/S0100-204X2016000200007.
- 442
443 PÉRTILE, S.F.N.; SILVA, F.F.; SALVIAN, M.; MOURÃO, G.B. Seleção e associação
444 genômica ampla para o melhoramento genético animal com uso do método ssGBLUP.
445 **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.51, n.10, p.1729-1736, 2016. DOI: 10.1590/S0100-
446 204X2016001000004.
- 447
448 SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; SILVA,
449 L.O.C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de
450 funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864-874, 2003.
451 <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982003000400011>.
- 452
453 SCALEZ, D.C.B.; FRAGOMENI, B.O.; PASSAFARO, T.L.; PEREIRA, I.G.; TORAL,
454 F.L.B. Polynomials to model the growth of young bulls in performance tests. **Animal**, v.8,
455 n.3, p.370-378, 2014. DOI: 10.1017/S1751731113002334.
- 456
457 SCHWARZ, G. Estimating the dimension of the model. **The Annual of Statistics**, v.6, n.2,
458 p.461-464, 1978. <https://projecteuclid.org/euclid.aos/1176344136>.
- 459
460 SINGH, A.; SINGH, A.; SINGH, M.; PRAKASH, V.; AMBHORE, G.S.; SAHOO, S.K.;
461 TRAÇO, S. Estimation of Genetic Parameters for First Lactation Monthly Test-day Milk
462 Yields using Random Regression Test Day Model in Karan Fries Cattle. **Asian Australians**
463 **Journal Of Animal Science**, v.29, n.6, p.775-781, 2016.
464 <http://dx.doi.org/10.5713/ajas.15.0643>.
- 465
466 SOUSA JÚNIOR, S.C.; OLIVEIRA, S.M.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; BOLIGON, A.A.;
467 FILHO, R.M. Estimacão de funções de covariância para características de crescimento da raça

- 468 Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39,
469 n.5, p.1037-1045, 2010. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982010000500014>.
470
- 471 TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Estruturas de variância residual para
472 estimação de funções de covariância para o peso de bovinos da raça Canchim. **Revista**
473 **Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.11, p.2152-2160, 2009. [http://dx.doi.org/10.1590/S1516-](http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982009001100012)
474 [35982009001100012](http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982009001100012).
475
- 476 TORAL, F.L.B.; PEREIRA, J.C.C.; BERGMANN, J.A.G.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros
477 genéticos do peso desde o nascimento até 730 dias de idade na raça Indubrasil. **Pesquisa**
478 **Agropecuária Brasileira**, v.49, n.8, p.595-603, 2014. DOI: 10.1590/S0100-
479 204X2014000800003.
480
- 481 WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications**
482 **in Statistics**, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993. <http://dx.doi.org/10.1080/03610919308813143>.
483
- 484
- 485
- 486
- 487
- 488
- 489
- 490
- 491
- 492
- 493
- 494
- 495
- 496
- 497
- 498

499 **Tabela 1.** Estrutura do arquivo de dados para análise de regressão aleatória com relação ao
500 número de registros por animal.

Análise dos dados	Número de animais
Total de registros	82.578
Número de animais na matriz de parentesco	19.116
Número animais com registros	16.359
Número animais com 03 registros	3.608
Número animais com 04 registros	2.866
Número animais com 05 registros	2.702
Número animais com 06 registros	3.802
Número animais com 7 a 10 registros	3.325
Reprodutores	368
Matrizes	4.965
Grupos de contemporâneos	4.582

501

502

503

504

505

506

507

508

509

510

511 **Tabela 2.** Número de parâmetros (NP), Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log
 512 (L)), critério de informação Akaike (AIC), Critério de informação Bayesiano (BIC), para
 513 modelo com classes de variância residual (CL).

MODELO	CL.	NP	Log (L)	AIC	BIC
M3333	1	25	-270478,567	541007,134	541238,742
M3333	2	26	-270478,588	541009,176	541250,048
M3333	3	27	-270478,595	541011,190	541261,328
M3333	4	28	-270478,569	541013,138	541272,540
M3333	5	29	-270478,565	541015,130	541283,796
M3333	6	30	-270478,565	541017,130	541295,060
M3333	7	31	-270472,033	541006,066	541293,260
M3333	8	32	-270445,694	540891,388	540955,388
M3333	9	33	-270297,333	540660,666	540966,388
M3333	10	34	-270214,288	540496,576	540811,564
M3333	11	35	-270079,543	540229,086	540553,338
M3333	12	36	-270082,489	540236,978	540570,494
M3333	13	37	-269930,161	539934,322	540277,102
M3333	14	38	-270038,102	540152,204	540504,250
M3333	15	39	-269898,984	539875,968	540237,278
M3333	16	40	-269871,952	539823,904	540194,476
M3333	17	41	-269844,073	539770,146	540149,984
M3333	18	42	-269844,073	539772,146	540161,248
M3333	19	43	-269844,073	539774,146	540172,512
M3333	20	44	-269844,073	539776,146	540183,776

515 **Tabela 3.** Número de parâmetros (NP), Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log
 516 (L)), critério de informação Akaike (AIC), Critério de informação Bayesiano (BIC), para
 517 modelos com variância residual heterogênea (HET).

MODELO	HET.	NP	Log (L)	AIC	BIC
M3333	17	41	-269844,073	539770,146	540149,984
M4333	17	45	-268742,966	537575,932	537992,826
M4444	17	57	-268603,884	537321,768	537849,836
M5333	17	50	-268271,473	536642,946	537106,162
M5343	17	54	-268262,528	536633,056	537133,330
M6333	17	56	-267339,827	534791,654	535310,458
M6343	17	60	-267333,868	534787,736	535343,598
M6353	17	65	-267331,942	534793,884	535396,066

518

519

520

521

522

523

524

525

526

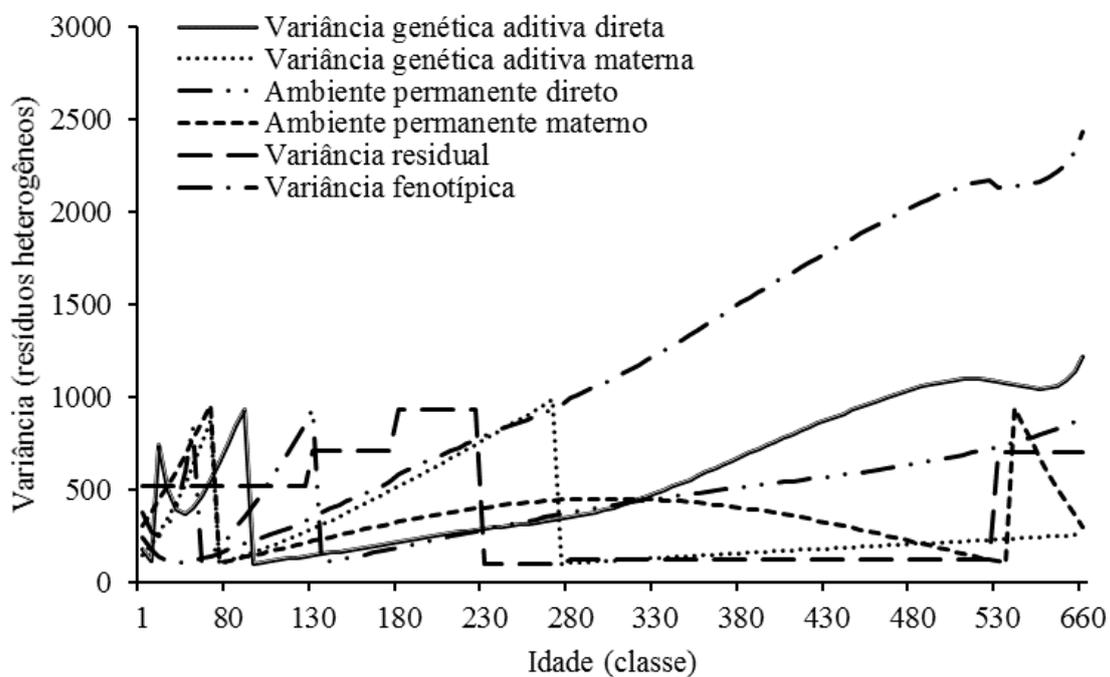
527

528

529

530

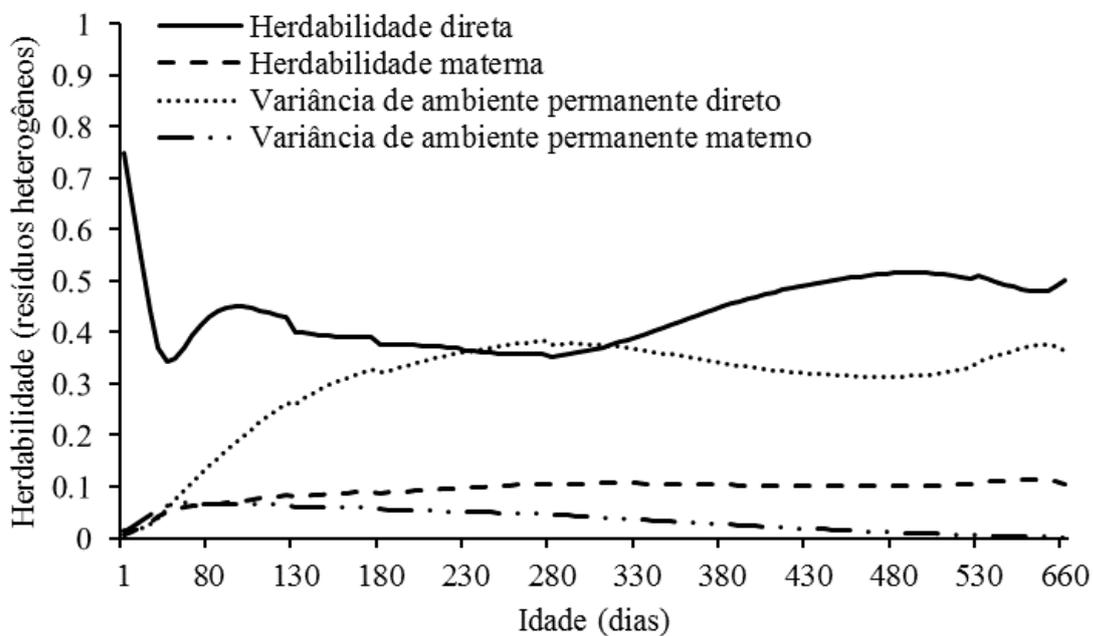
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542



543

544 **Figura 1.** Estimativas de variância genética aditiva direta e materna, ambiente permanente
545 direto e materno, variância residual e variância fenotípica, calculadas em função da idade, em
546 bovinos Tabapua, com o modelo de regressão aleatória M6333 e variância residual heterogênea.

547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558



559
560
561
562

Figura 2. Estimativas de herdabilidades diretas e maternas, variância de ambiente permanente direto e materno calculadas em função da idade, em bovinos Tabapuã, com o modelo de regressão aleatória M6333 e variância residual heterogênea.