UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM BOVINOS NELORE MOCHO UTILIZANDO MODELOS BICARACTERÍSTICOS E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Autor: Isabella Coutinho de Barros
Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
AGOSTO DE 2015

ISABELLA COUTINHO DE BARROS

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM BOVINOS NELORE MOCHO UTILIZANDO MODELOS BICARACTERÍSTICOS E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Coorientadores: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro
Prof. Dr. Luciano Pinheiro da Silva

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
AGOSTO DE 2015

636.2 Barros, Isabella Coutinho de.
B277p Parâmetros genéticos para pesos em bovinos nelore mocho utilizando modelos bi-característicos e de regressão aleatória. / Isabella Coutinho de Barros. – Itapetinga-BA: UESB, 2015.
76f.

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado e coorientação do Prof.D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro e Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza.

1. Bovinos nelore mocho – Componentes de covariância. 2. Bovinos - Herdabilidade. 3. Correlações Genéticas - Desenvolvimento ponderal. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia, C*ampus* de Itapetinga. II. Malhado, Carlos Henrique Mendes. III. Carneiro, Paulo Luiz Souza. IV. Souza, Paulo Luiz. V. Título.

CDD(21): 636.2

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
Área de Concentração: Produção de Ruminantes

Campus Itapetinga-*BA*

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Título: "Parâmetros genéticos para pesos em bovinos Nelore mocho utilizando modelos bi-característicos e de regressão aleatória".

Autor (a): Isabella Coutinho de Barros
Orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Co-orientador (a): Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

Prof. Dr. Luciano Pinheiro da Silva

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:

Prof. Dr. Carlos Henriques Mendes Malhado – UESB

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB

Prof. Dr. Luciano Pinheiro da Silva – UFC

Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau - UESC

Prof. Dr. Marcelo Cervini – UESB

Data de realização: 07 de Agosto de 2015.

"O valor das coisas não está no tempo em que elas duram, mas na intensidade com que acontecem. Por isso, existem momentos inesquecíveis,

coisas inexplicáveis e pessoas incomparáveis".

Fernando Pessoa

“O importante não é a maneira de se realizar os sonhos. O importante é a maneira de se conduzir a vida. Se você conduz a vida de maneira correta...

... os sonhos virão até você.”

RandyPausc

A

Deus;à minha mãe, que
é o início de tudo;

Ao

Meu marido e minha filha,
pelo estímulo;

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida e à Nossa Senhora Aparecida, pelo amor de mãe;

À minha mãe, pelo amor incondicional e valiosa ajuda...

Ao meu marido Saulo, pela paciência, pelo companheirismo e amor;

À minha filha Sara,peço desculpas meu amor pela ausência, mas é tudo por você sempre...

Ao Fred, meu irmão, obrigada pela acolhida em Itapetinga... e pelo amor..

À Mônica, minha cunhada querida, e Elizabeth, minha sobrinha, obrigada;

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, pela acolhida e oportunidade;

Ao meu orientador,Dr. Carlos Malhado, pela paciência e oportunidade de convívio e aprendizagem;

Ao meu coorientador, Dr. Paulo, pela ajuda, conselhos e oportunidade;

ÀFapesb, pela bolsa de estudos;

À Manu, obrigada pela amizade e companhia até o Piauí...

Aos colegas do GEMA: Vanius, Barbara, Eva, Marcela, Júlio, Fernando, Aracele, Laaina, Jarbas, José Lauro, Andréia, Manu, Mário, Nathanna, obrigada pelas risadas... em especial a Nathana e Daniel, por me acolher em sua casa em Jequié...

Aosprofessores Dr. Rodrigo Mota e Dr. Luciano Pinheiro, pela ajuda imprescindível...

Aoprof. Dr. José Lindenberge Daniel,pela orientação e disposição em ajuda;

ÀDrª. Luanna, Dr. Marcelo Cervini, Dr. Amauri eDr. Raimundo Martins, pela participação na banca;

Às secretárias da Pós de Jequié e Itapetinga...

A todos os familiares e amigos não mencionados, mas que sempre estiveram ao meu lado nos grandes ou pequenos momentos, ajudando de alguma forma na conclusão deste trabalho. Eu não os esqueci; sintam-se todos vitoriosos.

Muito obrigada!

BIOGRAFIA

ISABELLA COUTINHO DE BARROS, filha de Nilson dos Santos Barros e Maria Elza Coutinho, nasceu em Salinas, Minas Gerais, em 27 de março de 1985.

Em março de 2000, iniciou o curso técnico Agrícola com habilitação em Zootecnia, na Escola Agrotécnica Federal de Salinas, Minas Gerais, concluindo os estudos em dezembro de 2002.

Em dezembro de 2007, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Estadual de Montes Claros - UNIMONTES, Janaúba, Minas Gerais.

Em março de 2008, iniciou o Programa de Pós-graduação em Produção Animal no Semiárido, em nível de mestrado, na área de concentração Nutrição Animal, na Universidade Estadual de Montes Claros - UNIMONTES, e em agosto de 2010 defendeu sua dissertação.

Em março de 2011, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Doutorado, área de concentração Produção de Ruminantes, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, realizando estudos na área de Melhoramento Animal, defendendo sua tese em agosto de 2015.

SUMÁRIO

Página

LISTA DE FIGURAS viii

LISTA DE TABELAS ix

ABREVIATURAS xi

RESUMO xii

ABSTRACT xiii

I – REFERENCIAL TEÓRICO 15

1. Introdução 15

2.A Variedade Nelore Mocho..... 16

3. Panorama da Pecuária de Corte Brasileira..... 17

4. Modelos para Análise de Dados Longitudinais no Tempo..... 18

5.Modelos Bicaraterísticos..... 20

6. Modelos de Regressão Aleatória..... 21

7.Polinômios Ortogonais e de Legendre 23

8. Critérios para Escolha do Melhor Modelo de Regressão Aleatória..... 252

9. Parâmetros Genéticos..... 7

9.1. Estimativas de Herdabilidade Direta..... 27

9.2. Estimativas de Herdabilidade Materna..... 29

9.3.Estimativas de Correlações Genéticas..... 30

10. Homogeneidade e Heterogeneidade de Variâncias Residuais..... 31

11.Referências..... 33

II – OBJETIVOS GERAIS 40

III – CAPÍTULO I –PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM BOVINOS NELOREMOCHO UTILIZANDO MODELOS BICARATERÍSTICOS..... 41

Resumo 42

Abstract 40

Introdução 43

Material e Métodos 44

Resultados e Discussão 46

Conclusão..... 49

Referências Bibliográficas..... 50

IV- CAPITULO II- PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOSEM BOVINOS NELORE MOCHO, UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA..... 54

Resumo 54

Abstract 55

Introdução 56

Material e Métodos 57

Resultados e Discussão..... 60

Conclusão..... 67

Referências Bibliográficas..... 69

V - CONSIDERAÇÕES FINAIS 72

VI - ANEXO..... 73

Anexo A. Normas para preparação de trabalhos científicos para publicação na Pesquisa Agropecuária Brasileira 73

LISTA DE FIGURAS

Página

Capítulo II

FIGURA 1. Número de registros (preto) e peso, em kg (cinza), de animais Nelore Mocho em várias idades..... 61

FIGURA 2. Estimativas de variâncias genética direta (A), genética materna (B), ambiente permanente animal (C), ambiente permanente materno (D), fenotípica (E) e erro-padrão (pontilhado) obtidas por modelos de regressão aleatória, sob o modelo 4222_6 para a curva de crescimento de animais Nelore Mocho..... 63

FIGURA 3. Estimativas de herdabilidade aditiva direta (A) e materna (B) obtidas por modelos de regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6 para as diferentes idades de animais Nelore Mocho..... 64

LISTA DE TABELAS

Página

TABELA 1. Herdabilidades diretas de diferentes populações bovinas 28
TABELA 2. Herdabilidades maternas de diferentes populações bovinas..... 30

Capítulo I

TABELA 1. Descrição dos dados para pesos pré-ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade do arquivo de dados,para análises via modelos bicaracterísticos em diferentes pesos de animais Nelore Mocho..... 44
TABELA 2. Estimativas de variâncias genética direta (σ^2_a), genética materna (σ^2_m), de ambiente permanente materno (σ^2_{mp}) e fenotípica (σ^2_p), herdabilidade direta (h^2d), herdabilidade materna (h^2m), proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica (mp^2) e variância residual (e^2), obtidas por modelos bicaraterísticos para animais Nelore Mocho..... 46
TABELA 3. Estimativas de correlações genéticas aditivas diretas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) obtidas via modelos bicaraterísticos para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade em animais Nelore Mocho..... 48
TABELA 4. Estimativas de correlações genéticas materna (acima da diagonal) e ambiente permanente materno (abaixo da diagonal) obtidas via modelos bicaraterísticos para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade em diferentes idades em animais Nelore Mocho..... 49

Capítulo II

TABELA 1. Estrutura do arquivo para análise de regressão aleatória com relação ao número de registros por animal..... 57

TABELA 2. Número de registros de matrizes, número de touros, grupo de contemporâneos (GC), total de animais e total de observações de pesos de bovinos Nelore Mocho..... 58

TABELA 3. Ordem do polinômio para os efeitos genéticos aditivo direto (kd) e aditivo materno (km) e de ambiente permanente direto (kp) e materno (kmp), número de parâmetros (Np); Máximo Logaritmo da Função de Verossimilhança (Log L), Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC) para os modelos estudados 62

TABELA 4. Estimativas de herdabilidade direta (h^2d) e materna (h^2m) e proporção da variância de ambiente permanente materno (mp^2) e residual (e^2), em relação à variância fenotípica total, obtidas por regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6 para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade em animais Nelore Mocho..... 65

TABELA 5. Estimativas de correlações genéticas aditivas (acima da diagonal) e de correlação fenotípica (abaixo da diagonal), obtidas via modelos de regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6 para diferentes idades de animais Nelore Mocho..... 66

TABELA 6. Estimativas de correlações genéticas maternas (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal), obtidas via modelos de regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6 para diferentes idades de animais Nelore Mocho..... 67

LISTA DE ABREVIATURAS

ABCZ- Associação Brasileira de Criadores de Zebu

CDP- Controle de Desenvolvimento Ponderal

FC- Função de Covariância

GC- Grupos de Contemporâneos

SAS- StatisticalAnalysis System

MRA- Modelos de Regressão Aleatória

DEP's- Diferença Esperada na Progênie

AIC- Critério de Informação de Akaike

BIC- Critério de Informação Bayesiano

BC- Modelos Bicaraterísticos

Log L- Máximo do Logaritmo da Função de Verossimilhança

REML- Máximo da Função de Verossimilhança Restrita

IBGE- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

MAPA- Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

σ^2_d-Variância Genética Aditiva Direta

h^2_d- Herdabilidade Genética Aditiva Direta

h^2_m- Herdabilidade Genética Materna

σ^2_r - Variância Residual

σ^2_m- Variância Aditiva Materna

σ^2_q- Variância do Efeito de Ambiente Permanente Materno

σ^2_c- Variância de Ambiente Permanente Animal

σ^2_p-Variância Fenotípica

RESUMO

BARROS, Isabella Coutinho de. **Parâmetros genéticos para pesos em bovinos Nelore Mocho utilizando modelos bicaracterísticos e de regressão aleatória.** Itapetinga, BA: UESB, 2015. 76 p. Tese. (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes).*

Objetivou-se estimar componentes de covariância e parâmetros genéticos, para pesos e ao longo da curva de crescimento, usando modelos bicaracterísticos (BC) e modelos de regressão aleatória (MRA), para bovinos Nelore Mocho, na região Nordeste do Brasil. Foram utilizados20.727 registros de pesos, dos 60 dias aos 653 dias de idade, de 3.626 animais Nelore Mocho, provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Os componentes de covariância foram estimados com o Método de Máxima Verossimilhança Restrita. Nas análises de modelos bicaracterísticos(BC),foram utilizados pesos ajustados aos 205(P205), 365(P365) e 550 (P550) dias de idade.As análises de regressão aleatória (MRA) foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de até quarta ordem; o resíduo foi modelado, considerando uma a seis classes, e as diferentes ordens de ajustes para os polinômios foram comparadas utilizando três critérios: Logaritmo da Função de Verossimilhança, os Critérios de Informação Bayesiano de Schwarz e Critério de Informação de Akaike. Nas análises de modelos bicaracterísticos, a variância aditiva direta foi crescente de P205(97,90), P365 (274,07) e P550 (543,30). A variância materna cresceu variando de 59,46 a 61,67. Na variância de ambiente permanente materno, observou-se queda de P205 a P365, com posterior aumento em P550, no qual se observou maior valor 48,88. A variância fenotípica aumentou conforme o aumento das idades, variando de 451,24 a 1398,30. A herdabilidade direta para os pesos foi P205(0,21±0,01; P365(0,38±0,00) e P550(0,39±0,00). As estimativas de herdabilidades maternas diminuíram ao longo dos pesos, variando de P205(0,13±0,00), P365(0,08±0,19) e P550(0,05±0,19). As correlações genéticas diretas, genética materna e de ambiente permanente maternoentre os pesos foram superiores a 0,91. As correlações fenotípicas entre os pesos variaram de moderadas a altas (0,50 a 0,87±0,00), diminuindo conforme o aumento da distância entre as idades.Nas análises por modelos de regressão aleatória (MRA), o modelo de melhor ajuste foi de ordem quatro, para o efeito genéticodireto; e ordem dois,para os efeitos de ambiente permanente animal, genético aditivo materno e ambiente permanente materno e com variância residual com seis classes de idades.Para as análises via MRA, as estimativas de variância aditiva direta e variância fenotípica foram

crescentes, com acentuado crescimento após 543 dias. As variâncias de ambiente permanente animal e maternas apresentaram valores próximos a zero em toda a curva de crescimento. As estimativas de herdabilidades diretas,obtidas via MRA, foram maiores ao final do período, variando de 0,31 a 0,77. As estimativas de herdabilidades maternas foram próximas a zero em todas as idades. As correlações genéticas diretas,entre os pesos (P205, P365, P450 e P550), foram de magnitude moderada a alta (0,60 a 0,97). As correlações genéticas maternas e de ambiente permanente materno entre os pesos apresentaram valores próximos à unidade. O monitoramento dos parâmetros genéticos do desenvolvimento ponderal para animais Nelore Mocho do Nordeste se apresenta como procedimento importante para nortear e definirestratégias,visando aumentar os ganhos genéticos de forma consistente.

Palavras-chave: componentes de covariância, herdabilidade, desenvolvimento ponderal

---

* Orientador: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc. UESB e Coorientadores: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc. UESB e Luciano Pinheiro da Silva, D. Sc. UFC.

ABSTRACT

BARROS, Isabella Coutinho. **Genetic parameters for weights in Polled Nellore catlle using bi-trait models and random regression**. Itapetinga, BA: UESB, 2015. 76 p. Thesis. (Doctorate in Animal Science, Area of Concentration in Ruminant Production). *

This study aimed to estimate covariance components and genetic parameters for weights and along the growth curve, using bi-trait models (BT) and random regression models (RRM) for Polled Nellore cattle in northeastern Brazil. 20,727 records were used weights, from 60 days to 653 days of age, 3,626 animals Polled Nelore catlle, from the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ). The covariance components were estimated with the Maximum Restricted Likelihood method. In the bi-trait analysis models (BT) weights were used to set 205 (P205), 365 (P365) and 550 (P550) days of age. The random regression analysis (RRM) were performed using orthogonal polynomial up to fourth order Legendre, the residue was modeled considering a six classes and different orders of adjustments for polynomials were compared using three criteria, logarithmic likelihood function, the Bayesian Information Criteria Schwarz and Akaike Information Criterion. In the analysis of bi-trait models the direct additive variance was growing P205 (97.90), P365 (274.07) and P550 (543.30). Maternal variance grew ranging from 59.46 to 61.67. The variance of maternal permanent environment observed fall of P205 to P365 with subsequent increase in P550, when there was greater value 48.88. The phenotypic variance increased with increasing age ranging from 451.24 to 1398.30. The direct heritability for P205 (0.21±0.01), P365 (0.38±0.00) and P550 (0.39±0.00). Estimates of maternal heritability decreased over the weights ranging from P205 (0.13±0.00), P365 (0.08±0.19) and P550 (0.05±0.19). The direct genetic correlations, maternal genetic and maternal permanent environment between the weights were greater than 0.91. Phenotypic correlations between weights ranged from moderate to high (.50 to .87±0.00) decreases as the distance increases between the ages. In the analysis by random regression models (RRM), the best model was four order for genetic direct effect and order two for the purposes of animal permanent environmental maternal additive genetic and maternal permanent environment and residual variance with six classes for ages.For analysis via RRM estimates of direct additive variance and phenotypic variance were increasing, with strong growth after 543 days. The animal and maternal permanent environmental

variance showed values close to zero throughout the growth curve. Estimates of direct heritability obtained via RRM were higher at the end of the period, ranging from 0.31 to 0.77. Estimates of maternal heritability were near zero throughout the study period. The direct genetic correlations among pesos (P205, P365, P450 and P550) were of moderate magnitude to high (0.60 to 0.97). Maternal genetic correlations and maternal permanent environment between weights showed values close to unity. Monitoring of genetic parameters of weight development for Polled Nellore catlle animals in the northeastern, is presented as an important procedure to guide and define strategies to increase the genetic gains consistently.

Keywords: covariance components, heritability, weight development

* Advisor: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc. UESB andCo-advisors: PauloLuiz Souza Carneiro, D.Sc. UESB and Luciano Pinheiro da Silva, D. Sc. UFC.

I – REFERENCIAL TEÓRICO

1 – INTRODUÇÃO

Ao longo dos anos, a pecuária de corte brasileirapassou por um processo de modernização. Resultantes,principalmente,da aplicação de técnicas modernas de produção, introdução de programas de melhoramento e estabilização da economia, conferindo ganhos de volume e produtividade (Menezes et al., 2013), com o objetivo de aumentar a precocidade dos bovinos e, consequentemente, favorecer a rentabilidade do sistema.

Contudo, a bovinocultura de corte ainda apresenta baixos índices de produtividade,quando comparada com outros países produtores, apesar do Brasil possuir o segundo maior rebanho comercial do mundo e sero maior exportador mundial de carne (MAPA, 2011).

Uma das ferramentas utilizadas para possibilitar o aumento da produtividade são os programas de melhoramento genético para raças bovinas de corte, já implantados eque vem sendo conduzidos,em sua maioria,por meio da utilizaçãodas características de crescimento,como peso ou ganho de peso, como critério e objetivo de seleção (Bertipaglia et al., 2012). Essas características são de fácil mensuração, apresentam herdabilidades com valores moderados a altos, o que propicia ganhos genéticos razoáveis ao longo das gerações, e por estarem diretamente relacionadas à quantidade produzida de carne (Boligon et al., 2009).

Neste contexto, o melhoramento genético de uma raça envolve, dentre outras atividades, o processo de coleta e registro de características fenotípicas dos animais, gerando informações ao longo de vários anos, em diversos rebanhos, nos quaismatrizes e reprodutores são avaliados.O valor genético predito é uma das informações obtidas e que corresponde ao valor dos genes que afetam a expressão de uma determinada característica, e que podem ser transmitidos à geração seguinte (Mota et al., 2013), sendo parâmetro fundamental na avaliação genética.

Quando as características de crescimentosão mensuradasrepetidas vezes em diferentes idades nos animais,são chamadas de características longitudinais (Meyer, 1998;Meyer, 1999 e Meyer, 2001), e estas podem ser avaliadas por diferentes modelos estatísticos.Um dos modelos amplamente utilizados em avaliação desses dados são

osmodelosbicaraterísticos,que fornecem pesos em idades ajustadas (Sarmento et al., 2010), são de fácil aplicação e obtém informações sobre as relações lineares entre as idades (Sakaguti et al., 2003).

Em contraste, os modelos de regressão aleatória descrevem toda a trajetória de crescimento, ao invés de pontos específicos. Estes consideram que características que se alteram com a idade podem ser representadas por uma trajetória em função do tempo, apresentando um determinado valor em cada uma das possíveis infinitas idades, cujosregistros repetidos da mesma característica, medidas em idades diferentes, passam a representar diferentes características(Kirkpatrick, 1994; Meyer & Hill, 1997; Albuquerque & Meyer, 2001eEl Faro& Albuquerque, 2003).

Alguns trabalhos utilizando esta metodologiavêm sendo conduzidos no Brasil, como Sousa Júnior et al. (2010), que estimaram funções de covariâncias de bovinos da raça Tabapuã, e destacaram que a utilização de modelos de regressão aleatória em características de crescimento possibilitam a obtenção de DEP (Diferença Esperada na Progênie) para qualquer idade do animal, promovendo aumentona acurácia da avaliação, devido à eliminação de pré-ajustes nos dados e à possibilidade de se trabalhar com todas as pesagens disponíveis e com covariâncias adequadas.

Portanto, a escolha de modelos adequados aos dados e o correto ajuste das funções de covariância permitem a separação eficiente da variação de efeitos genéticos e não genéticos, refletindo na acurácia das estimativas de herdabilidades (Bertipaglia, et al., 2012).

2- A VARIEDADE NELORE MOCHO

A introdução de raças zebuínas no Brasil ocorreu nas primeiras décadas do século XX, tendo estes animais se adaptado rapidamente ao clima. Desde então, a população zebuína vem crescendo (Schenkel et al., 2002) e toda a cadeia produtiva de carne vem trabalhando no melhoramento dos animais, com prioridade para características produtivas (Bertipaglia et al., 2012).

Em 1957, nasceu o primeiro bovino com a característica mocha e, posteriormente, foi levado à reprodução, sendo que a totalidade de seus filhos também apresentou a característica mocha, evidenciando a dominância desta característica. Este foi usado intensamente no rebanho Nelore da fazenda Santa Marina, inclusive por consanguinidade, fixando o caráter e dando origem a um rebanho com caraterísticas

econômicas relevantes;como musculatura compacta, bem desenvolvida e facilidade de manejo(Santiago et al., 1987; Rosa et al.,1992 e Vozzi et al., 2004).

No ano de 1969, a variedade Mocho foi incorporada ao registro genealógico da ABCZ e, por muitos anos,contou com reduzido número de animais, no entanto, nas últimas décadas, a variedade se expandiu e, atualmente, assumiu o segundo lugar em número de registros, com 678.771 mil animais registrados na ABCZ, no ano de 2014 (ABCZ, 2014).

A facilidade de manejo e transporte, melhores condições para engorda em confinamento, preservação do couro e maior uniformidade do rebanho tornou a variedadepreferida pelos criadores, o que tem contribuído fortemente para o crescimento das populações de bovinos com esta característica (Rosa et al., 1992).

3- PANORAMA DA PECUÁRIA DE CORTE BRASILEIRA

A bovinocultura de corte tem se destacado na economia nacional e vem desempenhando um papel importantenoagronegóciobrasileiro,sendo esperado um aumentode 4,4%em 2015 (MAPA, 2011),assumindo posição de liderança no mercado mundial de carnes.Com um rebanho bovino estimado em 208 milhões de cabeças, o país ocupa a segunda posição entre os países produtores de carne bovina. Com um abate de 43,3 milhões cabeças/ano, o país é o maior exportador, chegando a um volume de 1,56 milhões de toneladas, segundo a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC, 2015).

A região Nordeste do Brasil detém 13,4% do efetivo total de bovinos do Brasil, que totaliza aproximadamente 28 milhões de cabeça (IBGE, 2014). No entanto, a região Nordeste apresenta índices produtivos muito baixos, quando comparada a outras regiões do país, devido principalmente à escassez de alimentos em quantidade e qualidade, causada pelo longo período de seca.

Esses números evidenciam o potencial de produção de carne no Brasil que, aliados ao baixo custo de produção, grande extensão territorial e ao tamanho do rebanho, lidera o mercado internacional de carne bovina (MAPA, 2015). Contudo, há um potencial para aumento e diversificação de produção e exportação, pois o país, nos últimos anos, vem apresentando melhoria dos índices de produtividade, aumento das áreas e diversificação de pastagens, maior disponibilidade de grãos e insumos, e vem

promovendo avanço de técnicas produtivas, dentre estas, o melhoramento (Baldi Rey et al., 2010).

O melhoramento genético animal pode contribuir para o aumento da produtividade da bovinocultura de corte, por meio da seleção de animais geneticamente superiores à média da população e pela disseminação deste material genético melhorado.

4- MODELOS PARA ANÁLISE DE DADOS LONGITUDINAIS NO TEMPO

Os dados longitudinais são informações de características, mensuradas várias vezes durante a vida de um animal (Sakaguti et al., 2003).Características como ganho de peso, ingestão de alimentos, produção de leite e ovos, entre outras, tem caráter contínuo, podendo ser explicadas pela ação de diferentes genes que se expressam em diferentes idades do animal, causando alterações fisiológicas e, consequentemente, alterações no desempenho dos animais ao longo do tempo (Schaeffer et al., 2010).

Assim, o tamanho do animal, em cada idade, pode ser considerado como uma característica diferente, existindo, dessa forma, um número infinito de idades e de características (Menezes et al., 2013) com as correlações entre as medidas diminuindo, quandoo espaço de tempo entre elas aumenta.Van Der Werf&Schaeffer (1997) completam que este tipo de característica merece um tratamento estatístico especial, uma vez que o padrão de covariâncias entre medidas repetidas é bem estruturado e, para que se possam fazer inferências sobre este tipo de dados, é importante modelar esta estrutura de covariâncias.

O uso de dados longitudinais no melhoramento apresenta algumas vantagens em relação aos modelos tradicionais, como o aumento do ganho genético por unidade de tempo, por permitir a utilização de dados de animais com apenas uma observação, possibilitando redução do intervalo de gerações(Sarmento et al., 2010).Adicionalmente, é possível verificar a existência de fatores específicos de cada dia em que o indivíduo foi mensurado, com consequente aumento no controle dos efeitos de ambiente (Ptak&Schaeffer, 1993) e dispensam o uso de fatores de ajuste, pois pressupõe a mesma curva para todos os animais, permitindo aumentar a precisão das estimativas dos componentes de covariância e na predição dos valores genéticos (Swalve, 1995).

A análise dos dados longitudinais pode ser realizada através de vários modelos, o modelo de repetibilidade, bicaraterísticos, multicaracterísticos e de regressão

aleatória.O modelo de repetibilidade é considerado o mais simples, assume que todas as medidas mensuradas ao longo do tempo representam a mesma caraterística, e considera que as variâncias genéticas e não genéticas não variam ao longo do tempo, isto é, que as correlações entre as medidas repetidas sejam iguais à unidade,tendo como consequência menor exigência computacional (Albuquerque, 2003).

No entanto, isso pode incorrer em erro, pois é possível, segundo Silva et al. (2008),que um animal A seja geneticamente superior a um animal B em determinada idade, mas não em outra, isso porque diferentes genes determinam a caraterística nas diferentes idades, além deste considerar o mesmo efeito de ambiente para todas as idades.

Os dados longitudinais também podem ser analisados pelos modelosmulticaraterísticos. Este modelo assume que cada peso ajustado à idade padrão é uma caraterística diferente. Os modelosmulticaraterísticos têm covariâncias não estruturadas (Meyer et al., 1998) epresume diferentes correlações genéticas entre os registros, o que pode elevar o número de parâmetros a seremestimados, dificultando a convergência do modelo, com alta demanda computacional (Sarmento et al., 2010).Meyer e Hill (1997) completa que este tipo de modelo de análise não estruturado só é viável computacionalmente e produzirá estimativas acuradas, quando o número de medidas repetidas for pequeno e o de indivíduos medidos for grande.Este modelo tem sido utilizado nas avaliações genéticas de bovinos de corte (Dias et al. 2006; Cyrillo et al. 2004).

Já os modelos de regressão aleatória surgiram como alternativa para avaliação de dados longitudinais. Segundo Menezes (2010), os modelos de regressão aleatória oferecem uma estrutura atraente e conceitualmente simples, embora poderosa e com propriedades desejáveis para as análises de dados longitudinais de programas de melhoramento animal. Pois estepressupõe que todos os registros do mesmo animal se referem a uma mesma característica e assume diferentes correlações genéticas entre esses registros, considerando que o caráter em questão pode ser mudando com o passar do tempo (Kirkpatrick et al., 1994). Os valores genéticos são preditos por funções contínuas dos desvios de cada animal em relação a uma curva média, tomada como fixa.

Nas avaliações genéticas em bovinos de corte, os componentes de covariância são ferramentas importantes na determinação de parâmetros genéticos e na predição do mérito genético dos indivíduos e têm sido estimados por diferentes metodologias, como o Método de Estimação por Quadrados Mínimos (LS), Método da Máxima

Verossimilhança (ML), Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Métodos Bayesianos, que evoluem à medida que novas teorias e técnicas computacionais são desenvolvidas.

A Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utiliza todas as informações disponíveis, possui convergência estável e leva em consideração a seleção. Devido a estas características, o REML é um método padrão para estimar componentes de covariância para o uso na avaliação genética animal.

5- MODELOS BICARATERÍSTICOS

Quando duas ou mais características são consideradas modelosbicaraterísticos, constitui metodologia adequada para a avaliação genética. Nos modelos bicaraterísticos, cada medida, ao longo da vida de um animal, é considerada como uma característica distinta. Este modelo considera simultaneamente as associações entre todas as características (Sarmento et al., 2006).

Quando as observações são coletadas em um intervalo de idades, há necessidade de ajustá-las para uma idade-padrão, tanto nos modelosbicaracterísticos quanto no modelo repetibilidade. Se a observação estiver distante em relação à idade-padrão, a estimativa do dado ajustado pode não ser fidedigna ao valor real. Neste caso, pode-se optar pelo descarte desses dados ao invés do ajustamento. Tanto os ajustes quanto a eliminação de observações afetam a qualidade dos dados, e diminuem, assim, a acurácia da avaliação genética (Albuquerque, 2003).

A utilização de modelos bicaraterísticos em análises de pesos ajustados às idades-padrão é capaz de fornecer informações sobre as relações lineares que podem existir entre cada par de idades, mas nenhuma inferência pode ser feita a respeito dos pesos nas idades intermediárias (Boligon et al., 2009). Este adota uma matriz de covariâncias sem restrições, ou seja, as covariâncias não são estruturadas, assumindo-se que a produção em cada idade padronizada é uma característica diferente.

Em análises genéticas, o número de parâmetros a ser estimado é equivalente a $[t(t+1)n]/2$, em que t é o número de características ou medidas repetidas por indivíduo e n é o número de componentes de variância estimados por característica (Meyer e Hill, 1997).

O modelo utilizado é:

$$y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i,$$

Em que y_ié o vetor de observações, b_ié o vetor dos efeitos fixos, a_ié o vetor dos valores genéticos aditivos; X_i e $Z_i$são as matrizes de incidência dos efeitos de b_ie $a_i$no vetor de observações y_i, e e_ié o vetor dos resíduos associados às observações y_i. Cada um deles atribuídos especificamente à característica i, i=1,...,t.

Nos modelosbicaraterísticos, as covariâncias entre as produções nas diversas idades variam e as correlações genéticas podem assumir valores menores que a unidade. Portanto, este modelo permite a avaliação simultânea de duascaracterísticas, considerando as covariâncias genéticas e de ambiente entre elas, além de fornecer todas as correlações existentes. As informações de uma característica podem ser utilizadas na avaliação de outra, aumentando-se a acurácia das avaliações. Isto é particularmente importante em características altamente correlacionadas e de baixa herdabilidade.

Nessas avaliações, é comum a adoção da prática da característica-âncora, com o intuito de minimizar os efeitos do descarte de animais inferiores pós-desmame nas propriedades e para aumentar a acurácia das predições dos valores genéticos (Silva et al., 2012), sendo comum o uso do peso à desmama P205 (Marcondes et al., 2000 e Pedrosa et al. 2014).

Apesar do uso constante dos modelos de repetibilidade para a estimação de parâmetros genéticos, por estes se apresentarem como alternativa mais simples na análise de dados longitudinais, os modelos bicaraterísticos são mais completos por permitirem estimativas de correlações distintas entre as medidas, mesmo tendo como desvantagem o aumento de parâmetros, quando são utilizadas informações em várias idades.

6- MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Os modelos de regressão aleatória são reconhecidamente a alternativa mais apropriada para análise de dados longitudinais (Dionello et al., 2008; Biassus et al., 2009), essa metodologia, inicialmente proposta por Henderson Jr. (1982) e LairdWare (1982), é consideradacomo casos especiais de funções de covariância, podendo descrever quase que a totalidade da variação da característica,visto que permitem a descrição da mudança gradual das covariâncias em função do tempo (Boligon et al.,2009) e a predição de variâncias e covariâncias para pontos ao longo da curva de

crescimento, mesmo existindo pouca informação entre os pontos (Kirkpatrick et al., 1990; Meyer, 1999); e, segundo Schaeffer&Dekkers(1994), os modelos de regressão aleatória têm ainda como vantagem permitir a utilização de dados de animais com apenas uma observação.

Do ponto de vista biológico, estas características são explicadas pela ação de diferentes genes que se expressam em diferentes idades do animal, causando alterações fisiológicas e, consequentemente, alterações no desempenho dos animais ao longo do tempo (Schaeffer, 2000).

Um modelo básico de regressão em notação matricial foi descrito por Meyer & Hill (1997):

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + W_1p + e$$

Em que, yé o vetor de observações;b é o vetor de efeitos fixos;a é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético aditivo direto; m é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético materno;p é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos de ambiente permanente do animal;X, Z_1, Z_2, W_1são as matrizes de incidência correspondentes; e é o vetor de resíduos.

A utilização dessa metodologia,segundo Meyer & Hill(1997),é viável em características de crescimento, pois permite a estimação de curvas de crescimento individuais, considerando o relacionamento existente entre os animais, além de utilizar mais eficientemente as informações disponíveis sem a necessidade de empregar ajustes arbitrários para idades consideradas como padrão, além deconsiderar na análise os efeitos de ambiente peculiar a cada pesagem (Jamrozik&Schaeffer, 1997).

Nos modelos de regressão aleatória, os valores genéticos são preditos por funções contínuas dos desvios de cada animal, tomados como aleatórios, em relação a uma curva média, considerada como efeito fixo, a função contínua da parte fixa dos modelos de regressão aleatória é conhecida como trajetória média de crescimento, por representar a tendência de crescimento do peso corporal médio da população em relação às diferentes idades (Sousa Júnioret al., 2010).

No Brasil, alguns trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória têm sido realizados com a finalidade de estudar características de crescimento em bovinos de corte. Baldi Rey et al. (2010) estimaram parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Canchim, e concluíram que é possível descrever o comportamento dos componentes de variância ao longo da curva de crescimento, além

de estimar e predizer com maior acurácia os parâmetros e valores genéticos, e identificar as fases do crescimento do animal em que há maior variabilidade genética para provocar alterações na curva de crescimento dos animais. Mota et al. (2013) concluíram, após trabalho realizado com animais da raça Simental, que os modelos de regressão aleatória podem ser usados em programas de melhoramento de bovinos da raça.

Todavia, quando se usa modelos de regressão aleatória,há a necessidade de escolher uma função para a descrição das trajetórias do efeito fixo e aleatórios (Cobuci et al., 2006), as quais pode ser funções ortogonais, paramétricas ou de covariância (Cobuci et al., 2004).As funções de covariância fornecem informações valiosas sobre as direções das curvas de crescimento e que são susceptíveis de mudar mais rapidamente sob pressão de seleção, porque eles exibem uma maior variabilidade genética (Bertipaglia et al., 2012).

Ainda, de acordo com Kirkpatrick et al. (1994), o modelo de função de covariância permite o cálculo de uma função gradiente de seleção contínua, que descreve a modificação de significância, devido a uma geração de seleção.

Uma família de funções adequadas para funções de covariância são polinômios de Legendre. Os polinômios de Legendre têm sido muito aplicados para descrever a trajetória destes efeitos, por não requerer pressuposição alguma sobre a forma da curva de crescimento (Sarmento et al., 2010).

7- POLINÔMIOS ORTOGONAISDE LEGENDRE

As funções de covariância precisam do uso de polinômios para seu ajuste e os polinômiosortogonais de Legendre são favoritos para utilização como covariáveis para estudos de variação genética, em trajetórias contínuas (Kirkpatrick et al., 1990).

Os polinômios de Legendre são amplamente usados por não requererem pressuposição sobre a forma da curva, apresentando vantagens computacionais (Albuquerque, 2004); são normalizados e ortogonais, em razão dos coeficientes estimados possuírem menores correlações, de maneira geral,e pelo fato de as matrizes dos polinômios ortogonais possuírem colunas, que são mutuamente ortogonais, evitando o problema de matrizes singulares, comum nos polinômios ordinários(Baldi Rey et al., 2010).

Polinômios podem ser montados, em forma total ou reduzida, sendo o primeiro equivalente a uma análise multivariada, que estima componentes de covariância

(Bertipaglia et al., 2012). Já um ajuste de ordem reduzida envolve menores parâmetros e reduz as diferenças nas estimativas de covariâncias, além de fornecer as matrizes de covariância preditas de igual categoria da ordem de ajuste (Meyer & Hill, 1997).

Segundo Schaeffer (2010), para o cálculo dos polinômios de Legendre é necessário definir inicialmente:

$$P_0(x) = 1,$$

Então, em geral, o polinômio n+1 é descrito pela fórmula de recorrência:

$$P_{n+1}(x) = \frac{1}{n+1}((2n+1)xP_n(x) - nP_{n-1}(x)). \text{ Assim,}$$

$$P_1(x) = x,$$

$$P_2(x) = \frac{1}{2}\left(3xP_1(x) - 1P_0(x)\right) = \frac{3}{2}x^2 - \frac{1}{2}), \text{ e assim sucessivamente.}$$

Na forma "normalizada", tem-se:

$$\phi_n(x) = \left(\frac{2n+1}{2}\right)^{0,5} P_n(x)$$

Assim, tem-se a série de polinômios ortogonais:

$$\phi_0(x) = (\frac{1}{2})^{0,5} P_0(x) = 0,7071$$

$$\phi_1(x) = \left(\frac{3}{2}\right)^{0,5} P_1(x) = 1,22467x$$

$$\phi_2(x) = \left(\frac{5}{2}\right)^{0,5}\left(\frac{3}{2}x2 - \frac{1}{2}\right) = -0,7906 + 2,3717x2$$

e assim por diante. No caso de uma ordem de ajuste seis (6) para a função de covariância e grau cinco para o polinômio de Legendre, temos a matriz Λ' (apresentada na forma transposta), que contém os coeficientes dos polinômios ortogonais:

$$\Lambda' = \begin{bmatrix} 0,7071 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1,2247 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -0,7906 & 0 & 2,3717 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -2,8062 & 0 & 4,6771 & 0 & 0 \\ 0,7955 & 0 & 7,9550 & 0 & 9,2808 & 0 \\ 0 & 4,3973 & 0 & -20,5206 & 0 & 18,4685 \end{bmatrix}$$

A matriz Λ' apresenta dimensão k x k, em que k refere-se à ordem da função de covariância utilizada. Depois uma matriz M (de dimensão t x k, em que t é o número de idades), que contém os valores de idade padronizados, é definida. Os polinômios de

Legendre são definidos para um máximo de 1 e mínimo de -1 e, consequentemente, o ponto médio igual a zero.

Após definirmos M, podemos então, encontrar a matriz Φ (de dimensão t x k) pela multiplicação de M por Λ (Φ = MΛ). Por serem definidas por polinômios de Legendre e valores de idades padronizadas, essas matrizes não dependem dos valores contidos na matriz de variâncias e covariâncias genéticas (G), assim, sendo possível definir uma matriz de coeficientes estimados (H), de menor ordem que G. Essa redução pode ser constatada pela observação de seus autovalores e fazendo-se a estatística F, para verificação do ajuste (Kirkpatrick et al., 1990).

A partir da estimação de (H), polinômios de menor ordem podem ser escolhidos por diferentes critérios, como o Máximo Logaritmo da Função de Verossimilhança (Log L), Critério de Informação de Akaike (AIC)(Akaike, 1983), Critério Bayesiano de Schwarz (BIC)(Wolfinger, 1993).

Alguns trabalhos vêm sendo desenvolvidos por meio de modelos de regressão aleatória,utilizando os polinômios de Legendre em melhoramento animal (Arango et al., 2004; Nephawe et al.,2004; Teixeira et al., 2013; Conti et al.,2014; Sousa Júnior et al., 2014).

Contudo, Meyer (2007)frisou que, apesar da predileção pelos polinômios de Legendre, estes podem apresentar alta ordem de ajuste, com estimação de um grande número de parâmetros, exigindo maior demanda computacional. Polinômios ajustados em alto grau apresentam comportamento irregular, com covariância apresentando superfícies sinuosas, podendo resultar em estimativas irreais e problemas de convergência, em particular, nos limites da amplitude de idades consideradas (Sarmento et al.,2010).

Estes problemas podem ser minimizados se uma maior proporção de animais tiver um número mínimo de observações, igual à ordem do polinômio a ser ajustada para o efeito de animal (Meyer, 2000).

8- CRITÉRIOS PARA ESCOLHA DO MELHOR MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

A escolha do modelo de regressão aleatória de melhor ajuste depende da função ou polinômio utilizado,devendo ser adequado para explicar a trajetória, separando corretamenteos efeitos fixos e aleatórios. Dessa forma, utiliza-se diversas equações para

modelar a curva de crescimento dos animais, e diferentes classes de variâncias residuais deverão ser testadas, na procura por modelos mais parcimoniosos, que minimizem a perda de qualidade do ajuste (Mota et al.,2013).

No entanto, a comparação dos modelos não é simples, e alguns critérios são utilizados: Máximo Logaritmo da Função de Verossimilhança, Critério de Informação de Akaike e Informação Bayesiano de Schwarz.

O Logaritmo do Máximo da Função de Verossimilhança (Log L)pode ser utilizado como critério para escolha do melhor modelo. Este critério não penaliza modelos muito parametrizados, apresentando melhores resultados para modelos com maior número de parâmetros (Ducrocq, 2000) enão faz teste de hipóteses (Wolfinger, 1993). Considera o melhor modelo com maior Log L. Logo, deve ser utilizado com senso crítico, e acompanhado de outros critérios.

O Critério de Informação de Akaike(AIC) admite a existência de um modelo real que descreve os dados, que é desconhecido, pode ser empregado para comparar modelos com os mesmos efeitos fixos, mas com diferentes estruturas de variância, sendo considerado melhor o modelo com o menor AIC (Akaike, 1973).

Sua fórmula é:

$$AIC= -2Log\ L+2p$$

Em que:
-2log L é a *deviance* do modelo;
L é o ponto de Máximo da Função de Verossimilhança;
pcorresponde ao número de parâmetros no modelo.

O Critério de Informação Bayesiano (BIC) tem como pressuposto a existência de um “modelo verdadeiro”, que descreve a relação entre a variável dependente e as diversas variáveis explanatórias entre os diversos modelos sob seleção. Considera melhor modelo aquele com menor valor de BIC.A seguir está exposta a fórmula para se calcular o BIC (Schwarz,1978).

$$BIC= -2Log\ L+ p\ log\ L\ (N-r(X))$$

Em que:

-2log L é a *deviance* do modelo;

p é o número de parâmetros estimados;

N é o número de observações;

r(X) é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos do modelo;

Log L é o Máximo Logaritmo da Função de Verossimilhança.

Dos testes citados,apesar de conceitualmente diferentes, utilizam o mesmo critério estatístico, o Máximo da Função de Verossimilhança como medida deajustamento, mas estes definem valores críticos diferentes, sendo a diferença fundamental entre os três métodos. Wolfinger& Chang (1995) concluem que o Critério de Informação Bayesiano de Schwarz BIC penaliza mais os modelos com grande número de parâmetros que o AIC, de modo que os dois critérios podem não concordar. Quanto menores os valores obtidos, melhor a qualidade de ajuste (El Faro & Albuquerque, 2003), já para o Log L, é melhor quando mais próximo a zero.

El Faro & Albuquerque (2003) utilizaram modelos de regressão aleatória para avaliar a produção de leite no dia do controle, tendo sido os modelos comparados usando o Teste da Razão de Verossimilhança, o Critério de Informação de Akaike e o Critério de Informação Bayesiano de Schwarz. Os autores concluíram que quanto maior a ordem da função de variâncias, melhor o ajuste para o modelo estudado.

No entanto, o uso de polinômios muito complexos e parametrizados podem dificultar a convergência dos algoritmos computacionais (Sarmento et al., 2010), tornando inviável a busca de resultados ou reduzindo a precisão das análises, devido principalmente ao uso de critérios menos rigorosos de convergência, que podem ocasionar perda da capacidade de explicar os fenômenos, portanto, é necessária cautela na escolha do modelo, para que decisões equivocadas não sejam tomadas.

9-PARÂMETROS GENÉTICOS

9.1- HERDABILIDADE DIRETA

As características de importância econômica, normalmente, são poligênicas, e nos programas de melhoramento genético, os animais são avaliados por intermédio de seu desempenho ou valor fenotípico. O valor fenotípico de determinada característica, medida no animal, é resultado do patrimônio genético que o animal possui, somado aos efeitos do ambiente e aos efeitos da interação genótipo x ambiente.

Na avaliação genética, busca-se identificar indivíduos portadores de genes desejáveis, de forma que, quando usados na reprodução, os animais transmitam à próxima geração. Como não é possível medir o valor genético diretamente, e sim o valor fenotípico, utiliza-se das técnicas de estimação. A predição dos valores genéticos é diretamente dependente dos componentes de variância e covariância das características de interesse econômico, sendo fundamentais no melhoramento genético, na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos, que serão utilizados para estabelecer os critérios de seleção. Dentre os parâmetros de maior importância, destacam-se as variâncias genéticas aditivas e não aditivas, correlações e herdabilidades (Cruz e Carneiro, 2003).

Estimativas de herdabilidade para características de desempenho foram descritas em alguns trabalhos, em bovinos criados no Brasil, e demonstram uma ampla diversidade entre os valores de herdabilidade direta.

Tabela 1- Herdabilidades diretas de diferentes populações bovinas

Idade	h^2d	Raça	Autores	Modelo	Local
205	0,54	Nelore Mocho	Garcia et al.(2003)	Unicaracterístico	MS
	0,46	Tabapuã	Sakaguti et al. (2003)	Bicaracterísticos	Brasil
	0,17	Nelore	Silveira et al. (2004)	Unicaracterístico	MS
	0,24	Nelore Mocho	Malhado et al. (2005b)	Unicaracterístico	Bahia
	0,16	Nelore Padrão	Malhado et al. (2008)	Unicaracterístico	Bahia
	0,19	Nelore Mocho	Amaral et al. (2014)	Unicaracterístico	Nordeste
	0,35	Nelore Mocho	Ambrosini et al.(2014)	Unicaracterístico	Nordeste
365	0,36	Tabapuã	Sakaguti et al. (2003)	Bicaracterístico	Brasil
	0,24	Nelore Padrão	Malhado et al. (2008)	Unicaracterístico	Bahia
	0,37	Nelore	Garnero et al. (2010)	Bicaracterísticos	Brasil
	0,19	Nelore Mocho	Ambrosini et al.(2012)	Norma de reação	Nordeste
	0,24	Nelore Mocho	Amaral et al, (2014)	Unicaracterístico	Nordeste
550	0,35	Tabapuã	Sakaguti et al. (2003)	Bicaracterísticos	Brasil
	0,30	Nelore	Silveira et al. (2004)	Unicaracterístico	MS
	0,42	Nelore	Garnero et al. (2010)	Unicaracterístico	Brasil
	0,18	Nelore Mocho	Amaral et al. (2014)	Unicaracterístico	Nordeste

MS= Mato Grosso do Sul

Por meio da metodologia de regressão aleatória,Albuquerque & Meyer (2001b) relataram a diminuiçãoda herdabilidade direta até 150 dias de idade (0,14) e, posteriormente, aumentaram conforme a idade (0,25), em animais Nelore, corroborando os estudos de Albuquerque & Meyer (2001a), que estimaram herdabilidade direta para pesos do nascimento aos 600 dias de idade de bovinos Nelore, que diminuíram após o nascimento (0,32) até 120 - 180 dias de idade (0,14), aumentando lentamente até 270 dias de idade (0,17), comprovando as mudanças na variância ao longo do crescimento do animal.

Nobre et al. (2003) observaram comportamento diferente, com estimativas inferiores para o peso ao nascimento (0,10 e 0,14), para dois rebanhos Nelore, e que posteriormente aumentaram conforme a idade (0,27 e 0,34). Semelhante a esses resultados, Bolignon et al. (2009) obtiveram herdabilidades superiores, que apresentaram um acréscimo do nascimento (0,34) até o sobreano (0,42), mantendo-se praticamente constante até os 8 anos de idade (0,39).

De maneira semelhante para a raça Tabapuã, Sousa Júnior et al. (2010) obtiveram via regressãoaleatória estimativas de herdabilidade com pequena tendência de queda do nascimento (0,15) até os 20 dias (0,11) e, após esta idade, apresentaram acréscimo (0,45) aos 660 dias de idade. Estes resultados sugerem haver variabilidade genética suficiente para a obtenção de ganho genético mais acentuado, se a seleção individual for realizada, considerando pesos após a desmama.

Dias et al. (2006) relataram que as estimativas de herdabilidade para efeito aditivo direto decresceram do nascimento (0,28) até próximo à desmama (0,21), e por volta dos 240 dias de idade e após essa idade, apresentaram tendência de aumento (0,24) até 550 dias de idade para a raça Tabapuã.

9.2- ESTIMATIVAS DE HERDABILIDAE MATERNA

Em bovinos de corte, os efeitos maternos são mais significativos para as características de crescimento até o desmame, no entanto, alguns autores relataram efeitos significativos que permaneceram após o desmame (Dias et al., 2006; Motaet al., 2013). Tais autores sugerem que os efeitos maternos devem ser considerados nas avaliações de características de crescimento, mesmo após o período de desmama.

Neste sentido, é consenso na literatura que os efeitos maternos devem ser considerados na estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento,

já que tanto o genótipo do próprio animal como o genótipo da sua mãe afetam o crescimento do animal (Albuquerque& Meyer, 2001b), e os modelos que não levam em consideração oefeito aditivo materno conduzem a superestimação nas estimativas de herdabilidade direta.

Estimativas de herdabilidade materna para pesos em idades-padrão foram descritas em alguns trabalhos, em bovinos criados no Brasil, e demonstram a amplitude de valores relatados na literatura.

Tabela 2- Herdabilidades Maternas em diferentes populações de bovinos

Idade	h^2m	Raça	Autores	Modelo	Local
205	0,12	Nelore	Nobre et al. (2003)	MRA	Brasil
	0,12	Nelore Mocho	Souza et al (2004)	Uni	Oeste
	0,10	Tabapuã	Dias et al. (2006)	MRA	Brasil
	0,06	Nelore	Malhado et al. (2008)	Uni	Bahia
	0,05	Nelore	Souza et al. (2004)	Uni	COS
	0,12	Nelore Mocho	Amaral et al. (2014)	Uni	Nordeste
365	0,01	Nelore	Souza et al. (2004)	Uni	COS
	0,08	Nelore	Malhado et al. (2008)	Uni	Bahia
	0,02	Tabapuã	Ferraz Filho et al. (2002)	Uni	Brasil
	0,04	Nelore	Garnero et al. (2010)	Bi	Brasil
550	0,03	Tabapuã	Ferraz Filho et al. (2002)	Uni	Brasil
	0,02	Tabapuã	Dias et al. (2006)	MRA	Brasil
	0,03	Nelore	Souza et al. (2004)	Uni	COS
	0,05	Nelore	Garnero et al. (2010)	Bi	Brasil

COS= Centro Oeste e Sudeste do Brasil; Oeste= Oeste de São Paulo e Paraná

9.3- ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS

Geralmente, em gado de corte, as estimativas de correlações genéticas entre pesos em diferentes idades são positivas e de magnitude moderada a alta (Mercadante et al. 2004).Para bovinos Nelore Mocho (Ferraz Filho,1996), estimou correlações genéticas do peso ao nascimento de 0,42, 0,47 e 0,51, com P205, P365 e P550, em bovinos da raça Nelore Mocho.

Do mesmo modo, Dias et al. (2006) estimaram correlações genéticas moderadas entre os pesos ao nascimento e em idades padrão, sendo 0,58; 0,50 e 0,32 entre o peso ao nascer e os pesos aos 240, 365 e 550 dias, respectivamente. Entre os pesos aos 240 e 365 dias (0,98), 240 e 550 dias (0,78) e 365 e 550 dias (0,88), as correlações genéticas foram altas.

Boligon et al. (2009) obtiveram estimativas entre PN, P120, P205, P365, ao sobreano e aos dois anos de média a alta (0,54 a 0,86), sendo as altas estimativas de correlações entre pesos a idades jovens, e o peso adulto como indicativo de que a seleção de animais para maior peso a idades jovens provavelmente levará a aumento no peso à idade adulta (Boligonet al., 2009; Baldi Rey et al., 2010; Bertipaglia et al., 2012).

10- HOMOGENEIDADE E HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS RESIDUAIS

A possibilidade da existência de heterogeneidade de variância em relação ao ambiente não é nova no melhoramento animal (Torres et al., 2000). Lush (1945) recomendou que os animais deveriam ser avaliados nos ambientes em que seriam usados, e para obter maior acurácia, a seleção deveria ser praticada em ambientes melhores, pela maior expressão dos genes de interesse (Hammond, 1947).

A heterogeneidade de variância pode ser vista comouma forma primária de interação genótipo × ambiente e pode comprometer o resultado do processo de seleção, caso a fonte dessa heterogeneidade sejam os fatores ambientais.Os modelos de regressão aleatória não requerem pressuposições quanto à constância de variâncias e correlações (Bonafé et al., 2011), e vem sendo amplamente utilizados na análise de registros repetidos de características que mudam gradualmente ao longo do tempo (Meyer, 2000).

Os primeiros trabalhos que utilizaram os modelos de regressão aleatória (Jamrozik et al., 1997; Jamrozik&Schaeffer, 1997), e juntamente com os primeiros estudos no Brasil (Albuquerque & Meyer, 2001a; Nobre et al., 2003), consideravam a estrutura de variância homogênea para o resíduo que, aliada ainda a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, superestimam as variâncias genéticas aditivas.

Segundo Jamrozik&Schaeffer, (1997), ao se considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode-se melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas

aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise.No entanto, pode proporcionar aumento no número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança 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 (El Faro et al.,2008).

Modelos mais parcimoniosos têm sido propostos, como forma de evitar perda da qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios considerados, através da utilização de modelos com estruturas de variâncias residuais distintas e número reduzido de classes de variâncias, advindas do agrupamento de classes, que contêm variações semelhantes ou por meio de funções de variâncias residuais, com polinômios ortogonais de Legendre ou polinômios ordinários (Lewis &Brotherstone, 2002; El Faro & Albuquerque, 2003; Fujii& Suzuki, 2006).

11- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIACAO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU - ABCZ. Estatísticas. 2014. Disponivel em: <www.abcz.org.br/ conteudo/tecnica/estatisticas.html>. Acesso em: 15 jul. 2015.

ABIEC – Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne. Disponível em: http://www.abiec.com.br/download/EXP_JAN-DEZ_08.pdf. Acesso em 30/07/2015.

AKAIKE, H. Information Theory and an Extension of the Maximum Likelihood Principle. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings…** Budapest: AcademiaiKiado, 1973. p. 267-281.

ALBUQUERQUE, L. G. Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore. 83f. **Tese (Livre-Docência)** – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, 2003.

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004.

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

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

AMARAL, R. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H.M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde Produção Animal,** Salvador, v.15, p.261-271, 2014.

AMBROSINI, D. P.; CARNEIRO,P.L. S.; BRACCINI, J. et al. Interação genótipo x ambiente para peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

AMBROSINI, D.P., MALHADO, C. H. M., NETO, J.B., et al. Reaction norms of direct and maternal effects for weight at 205 days in polled nellore cattle in North-eastern Brazil**. Archiv Tierzucht**.v.57,p;1-11, 2014.

ARANGO, J.A.; CUNDIFF L.V.; VAN VLECK L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.

BALDI REY, 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.

BERTIPAGLIA, T. S.; CARREÑO, L. O. D.; MACHADO, C. H. C.; ANDRIGHETTO, C.; FONSECA, R. Estimates of genetic parameters for visual scores and their correlation with production and reproductive traits in Brahman cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, p. 1407-1411, 2012.

BIASSUS, I. O., COBUCI,J. A., COSTA, C. N., et al.Persistence in milk, fat and protein production of primiparous Holstein cows by random regression models. **RevistaBrasileira de Zootecnia**,v.39, p.2617-2624, 2010.

BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; BALDI, F.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 39, p. 145-148, 2009.

BONAFÉ, C. M.; TORRES, R. A.; SARMENTO, J. L. R. SILVA, L. P. et al. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.765-771, 2011.

CYRILLO, J. N. S. G., ALENCAR, M. M., RAZOOK, A. G. MERCADANTE, M. E. Z., FIGUEREDO, L. A. Modelagem e Estimação de Parâmetros Genéticos e Fenotípicospara Pesos do Nascimento à Seleção (378 dias) de Machos Nelore. **Revista Brasileira deZootecnia,** v.33, p.1405-1415, 2004.

COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N. et al. Estimativas de herdabilidade para produção de leite no dia do controle de vacas da raça Holandesa utilizando regressão aleatória. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004.

COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N.M. et al. Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilmink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.614-623, 2006.

CONTI, A. C. M., OLIVEIRA, C. A. L., MARTINS, E. N.; RIBEIRO, R. P., BIGNARDI, A. B., PORTO, E. P., OLIVEIRA, S. N. Geneticparameters for weightgainandbodymeasurements for Niletilapiasbyrandomregressionmodeling. **Semina: CiênciasAgrárias**, Londrina, v. 35, p. 2843-2858,2014.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV, 2003. 579p.

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**, v. 35, p. 1915-1925, 2006.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA. M.A. et al. 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.

DUCROCQ, V. Calving ease evaluation of French dairy bulls with a heteroskedastic threshold model with direct and maternal effects. **InterbullBulletin**, v.25, p.123-130, 2000.

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

EL FARO, L.; CARDOSO, V.L.; ALBUQUERQUE, L.G. de. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (BostaurusArtiodactyla, Bovidae). **Geneticsand Molecular Biology**, v.31, p.665-673, 2008.

FERRAZ FILHO, P. B.Análise e tendência genética de pesos em bovinos da raça Nelore Mocha no Brasil. **Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético Animal)** - Faculdade de Ciência Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, 1996. Jaboticabal, 163p.

FERRAZ FILHO, P.B, RAMOS, A.A., SILVA, L.O.C. et al.Tendência Genética dos Efeitos Direto e Materno sobre os Pesos à Desmama e Pós-Desmama de Bovinos da Raça Tabapuã no Brasil. **RevistaBrasileiraZootecnia**, v.31, n.2, p.635-640, 2002.

FUJII, C.; SUZUKI, M. Comparison of homogeneity and heterogeneity of residual variance using random regression test-day models for first lactation Japanese Holstein cows. **Animal Science Journal**, v.77,p.28-32, 2006.

GARCIA, F.Q.; FERRAZ FILHO, P.B.; SOUZA, J.C.; et al. Tendência dos efeitos genéticos diretos e maternos do peso a desmama de bovinos da raça nelore mocha na região pecuária Campo Grande e Dourados – Mato Grosso do Sul.**Archives of Veterinary Science.**v. 1, p. 93-97, 2003.

GARNERO, A.V., MÛNOZ, M.C.C.D., MARCONDES, C.R. et al. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós-desmama na raça Nelore. **ArchivZootecnia**. n. 59(226), p-307-310, 2010.

HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biology Rev**., v.22, p-195-213,1947.

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

IBGE-Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pecua/default.asp> Acesso em: 30/10/2014.

JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J.; DEKKERS, J.C.M. et al. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science,** v.80, p.2550-2556, 1997.

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

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

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

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

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

LUSH, J.L. **Animal breeding plans.** Ames: Iowa State College. 443p, 1945.

MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B. et al. Tendência genética para características relacionadas à velocidade de crescimento de bovinos Nelore na região Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.60-65, 2005b.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; PEREIRA, D.G. et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p.1163-1169, 2008.

MARCONDES, C.R., BERGMANN, J.A.G., ELER,J P. et al. Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore.Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. vol.52, n.1, 2000.

MAPA-Brasil (2011) Projeções do agronegócio: mundial e brasileiro. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.Acesso em 02.02.2015.

MEYER, K. Estimatingcovariancefunctions for longitudinal data using a randomregressionmodel. **Genetics 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. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, p. 557-585, 2001a.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariances functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, p. 487-514, 2001b.

MEYER, K. First estimates of covariance functions for lifetime growth of Angus cattle. **Proceedings of Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics**, v. 15, p. 395-398, 2003.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, **Journal Zhejiang University Science b**, v.8,p.815-821, 2007.

MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v. 47, p. 185-200, 1997.

MENEZES, G. R. O., TORRES, R. A., TORRES JUNIOR, R. A. A., et al. Estimation of genetic parameters for growth traits in Tabapuã cattle using a multi-trait model. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.42, p.570-574, 2013.

MENEZES, G. R. O. Uso de polinômios segmetados na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos da raça Tabapuã. 99f. **Tese (Doutorado)**. Universidade Federal de Viçosa. 2010.

MERCADANTE, M.E.Z., RAZOOK, A.G., TROVO, J.B.F., CYRILLO, J.N.S., FIGUEIREDO, L.A. Parâmetros genéticos do peso no início da estação de monta, considerando indicativo do peso adulto de matrizes Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.33, p.1135- 1144, 2004.

MOTA, R. R.; MARQUES, L.F.A.; LOPESP.S., et al. Genetic evaluation using multi-trait and random regression models in Simmental beef cattle. **Genetics and Molecular Research**. v.12, p. 2465-2480, 2013.

NEPHAWE, K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of AnimalScience**, v.34, p.166-173, 2004.

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

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.

PEDROSA, V. B.; ELER, J.P.; FERRAZ, J. B. S. et al. Utilização de modelos unicaracterística e multicaraterística na estimação de parâmetros genéticos na raça Nelore.**Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.66, p.1802-1812, 2014.

ROSA, A. N., SILVA, L.O.C., PORTO, J.C.A. Raças Mochas: história e genética. Campo Grande. EMBRAPA- CNPGC. 1992, 64p. (EMBRAPA- CNPGC Documentos, 50).

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.864-874, 2003.

SANTIAGO, A. A. **GADO NELORE: 100 ANOS DE SELEÇÃO**. São Paulo: Ed dos Criadores LTDA, 1987, 592p.

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

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

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

SILVA, J. A. V., MARCELO, E. T., RIBEIRO, C. B., et al. Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus **Pesquisa Agropecúaria Brasileira**, v.47, n.8, p.1166-1173, 2012.

SILVEIRA, J. C., MCMANUS, C., MASCIOLI, A. S. et al.Fatores Ambientais e Parâmetros Genéticos para Características Produtivas e Reprodutivas em um Rebanho Nelore no Estado do Mato Grosso do Sul. RevistaBrasileira de Zootecnia, v.33, n.6, p.1432-1444, 2004.

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

SCHAEFFER, L. R. 1997. Random regression in animal breeding. Course notes. Centre for Genetic Improvement of Livestock, CGIL, Guelph, Canada. Available: **http://www.aps.uoguelph.ca/cgil/ pub/notes/notes.html**. Accessed May 24, 2000.

SCHAEFFER, L.R. Random regression models**. http://www.aps.uoguelph.ca/ ~lrs/ ABModels/NOTES/RRM14a.pdfs**..Acesso em 25 de novembro de 2010.

SCHWARZ, G. Estimatingthedimensionof a model. **Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.

SCHENKEL, F. S.; LA GIOIA, D. R., RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão endogamica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In Sociedade Brasileira de

melhoramento Animal. IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Campo Grande, **Anais…**Campo Grande SBMA, 2002.

SWALVE, H.H. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. **JournalofDairy Science**, v.78, p.929-938, 1995.

SOUZA, M.C.A.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C.; MALHADO, C.H.M. Efeitos genéticos e ambientais sobre pesos a desmama de bovinos da raça Nelore Mocha, na região pecuária oeste São Paulo - Paraná. **ArchivesofVeterinary Science**, v.9, n.2, p. 113-118, 2004.

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

SOUSA JÚNIOR, S. C.; EL FARO, L. BIGNARDI, A. B., et al. Aplicação de modelos de regressão aleatória utilizando diferentes estruturas de dados.**Ciência Rural**, v.44, p.2058-2063, 2014.

TEIXEIRA, B. B.; EUCLYDES, R. F.; DA SILVA, L.P; et al.; Felipe Gomes da Silva. Modelos de regressão aleatória na seleção de codornas de corte para produção de ovos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.** V. 48, Brasília, 2013.

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. **RevistaBrasileira de Zootecnia,** v.29, p.1050-1059, 2000.

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

VOZZI, P.A., MARCONDES, C.R., BEZERRA, L. A.F. et al. Estrutura de Linhagens e variabilidade genética na raça Nelore. V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. **Anais…**Pirassununga, 2004.

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

WOLFINGER, R.; CHANG, M. Comparing the SAS GLM and MIXED procedures for repeated measures. In: ANNUAL SAS USERS GROUP CONFERENCE, 20., 1995, Cary (NC).**Proceedings...** Cary: SUG, 1995. CD-ROM.

II – OBJETIVOS GERAIS

Objetivou-seestimar parâmetros genéticos para pesos ajustados a 205, 365 e 550 dias de bovinos Nelore Mocho, utilizando modelosbicaracterísticos.

Estimar parâmetros genéticos para curva de crescimento de bovinos Nelore Mocho, utilizando modelos de regressão aleatória.

CAPÍTULO I

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM BOVINOS NELORE MOCHO UTILIZANDO MODELOS BICARACTERÍSTICOS

Resumo-O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para pesos em bovinos Nelore Mocho, na região Nordeste do Brasil. Foram utilizadas informações de animais nascidos no período de 1975 a 2011, e dados dos pesos ajustados aos 205,365 e 550 dias de idades. Para realização das análises estatísticas, utilizou-se do Método da Máxima Verossimilhança Restrita, em modelosbicaraterísticos. O modelo estatístico continhacomo efeito fixo os grupos contemporâneos; como covariável,a idade da vaca ao parto; os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e residual. As estimativas de variância genética aditiva foram crescentes com valores de P205(97,90), P365(274,07) e P550(543,30). As estimativas de variância materna tiveram tendência de crescimento com valores entre 59,46 a 75,79. Na variância de ambiente permanente materno, observou-se queda de P205 a P365 com posterior aumento para P550. A variância fenotípica aumento com o avanço das idades, 451,24; 702,38 e 1398,30, respectivamente. As herdabilidades diretaspara os pesos P205, P365 e P550 foram 0,21±0,01; 0,38±0,00 e 0,39±0,00, respectivamente. As estimativas de herdabilidade para o efeito materno foi maior no início, com valores a desmama 0,13±0,00 aos 205 dias, 0,08±0,19 aos 365 dias; e 0,05±0,19 aos 550 dias de idade. As correlações genéticas diretas apresentaram valores superiores a 0,94±0,05. As correlações fenotípicas apresentaram valores de moderados a altos.As correlações genéticas maternas e de ambiente permanente materna apresentaram valores superiores a 0,91±0,13.Apesar dos pesos em idades mais jovens apresentarem menores herdabilidades, pode-se obter ganhos por seleção nessas idades, dado as altas correlações com pesos em idades maiores.

Palavras-chave: bovino de corte, componentes de variância, correlação genética, herdabilidade

CHAPTER I

GENETIC PARAMETERS FOR WEIGHT IN POLLED NELLORE CATTLE MODELS USING BI-TRAIT

ABSTRACT- The objective of this work was to estimate genetic parameters for weights in polled Nellore cattle in northeastern Brazil. Animals born of information between in the period from 1975 to 2011, and weight values adjusted to 205, 365, and 550 days of age. Statistical analysis was carried out by the Restricted Maximum Likelihood method in bi-trait models. The statistical model containing as fixed effects the contemporary groups; the covariate age of cow at calving; the random effects, direct additive genetic, maternal additive genetic, maternal permanent environmental and residual. Estimates of additive genetic variance increased with P205 values (97.90), P365 (274.07) and P550 (543.30). Estimates of maternal variance had growth trend with values ranging from 59.46 to 75.79. The variance of maternal permanent environmental production declined from P205 to P365 with subsequent increase to P550. The phenotypic variance increased with advancing age, 451.24; 702.38 and 1398.30 respectively. The direct heritability for the weights P205, P365 and P550 were 0.21±0.01; 0.38±0.00 and 0.39±0.00, respectively. The heritability estimates for the maternal effect was higher at the beginning, with values weaning 0.13±0.00 to 250 days, 0.08±0.19 and 0.05±0.19 to 365 days to 550 days. The direct genetic correlations showed values greater than 0.94±0.05. The phenotypic correlations showed moderate to high values. Maternal genetic correlations and maternal permanent environment presented values higher than 0.91±0.13. Despite weights at younger ages have lower heritability, selection can be obtained by gains at these ages, given the high correlations with weights at older ages.

Keywords: beef cattle, variance components, genetic correlation, heritability

INTRODUÇÃO

A pecuária de corte brasileira vem buscando alternativas para conseguir atender a crescente demanda de carne no mercado mundial; segundo cálculo da FAO, o mundo precisará aumentar sua produção de carne bovina em 34% até 2030 (Menezes et al. 2013).A maior parte da carne bovina brasileiraé oriunda de sistemas de produção extensivos, emregime de pastagens, e rebanhos constituídos de raçaszebuínas adaptadas às condições de criação em climas tropicais. Das raças zebuínas, a Nelore correspondea quase 80% do rebanho no Brasil (ABCZ, 2014).Deve-se destacar que a raça Nelore Mocho encontra-sena segunda posição em número de registrospela Associação Brasileira de Criadores de Zebu(ABCZ) e, atualmente, representa 13,4% dos animaiszebuínos com registro genealógico definitivo. Apesardo expressivo crescimento da raça Nelore Mocho,são poucos os estudos que avaliaram o desempenhozootécnico dessa raça.

A avaliação genética de bovinos de corte depende, essencialmente, da disponibilidade das estimativas de parâmetros genéticos para as características de interesse econômico. Segundo Albuquerque & El Faro (2008), os valores genéticos para características de crescimento em gado de corte são preditos e os componentes de variância são estimados considerando o peso às idades-padrão como, por exemplo, ao nascimento, à desmama, ao ano e ao final.

Nesse sentido, as avaliações genéticas em gado de corte vêm utilizando, principalmente, os pesos corporais para avaliação (Boligon et al., 2009), e estes são importantes para julgarem a eficiência dos sistemas de produção, e são constantemente considerados como critério de seleção em programas de melhoramento genético (Baldi Rey et al., 2010).Usualmente, essas características são analisadas em determinadas idades, às quais os pesos são ajustados antes de serem avaliados, sendo conhecidas como idades-padrão.

Os modelos bicaracterísticos são amplamente utilizados em análises conjuntas de pesos ajustados às idades-padrão (Ramirez-Valverde et al., 2007 e Pedrosa et al., 2014). Estes modelos adotam uma matriz de covariâncias sem restrições, consideram cada medida ao longo da vida de um animal como uma característica distinta, fornecendo informações sobre as relações lineares existentes entre as idades (Sakagutiet

al., 2002). No entanto, nenhuma inferência pode ser feita a respeito dos pesos nas idades intermediárias (Boligon et al., 2009).

Dessa forma, objetivou-se estimar parâmetros genéticos paradesenvolvimento ponderal, utilizando modelos bicaraterísticos para bovinos Nelore Mocho, criados no Nordeste do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são debovinos Nelore Mocho, nascidos entre 1975 a 2011, na região Nordeste do Brasil, provenientes da Associação Brasileira de criadores de Zebu (ABCZ).

Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos por fazenda, sexo, época, ano de nascimento eregime alimentar. Grupos de contemporâneos com menos de três animais foram excluídos das análises. O arquivo de dados para os modelosbicaracterísticos foi composto por pesos ajustados para as idades aos205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade (Tabela 1), sendo que foram aproveitadas, para o cálculo de P205, P365 e P550, respectivamente, as pesagens realizadas entre 60 e 205, 206 e 365, 366 e 653 dias de idade.

Tabela 1. Descrição dos dados para pesos pré-ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade do arquivo de dados para análises via modelos bicaracterísticos em animais Nelore Mocho

Pesos	N	Touros	Vacas	GC	Média (Kg)	Dp (Kg)	Min (kg)	Max (kg)
P205	8.418	47	73	635	173,35	28,82	25	310
P365	8.418	47	73	635	234,38	41,19	72	499
P550	8.418	47	73	635	306,24	66,45	88	734

Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max).

A consistência do banco de dados foi testada no programa SAS (SAS, 2008). A estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos foram realizadas pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML)obtidos pelo programa WOMBAT, desenvolvido por Meyer (2007), utilizando os algoritmos EM e AI-Modificado. Foi usado como critério de convergência o padrão do programa (10^{-5}).A covariância entre os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno foi assumida como igual a zero.

O modelo bicaraterístico, com três caraterísticas de desenvolvimento ponderal (P205, P365 e P550, considerando a característica-âncora P205),continha o efeito fixo de grupos contemporâneos; a covariável idade da vaca ao parto; os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e residual, e pode ser descrito, matricialmente, da seguinte forma:

$$y = X\beta + Z_1 d + Z_2 m + Z_3 mp + e$$

Em que:

y = vetor de observações;

β = vetor de efeitos fixos;

d = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

m = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

mp = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

Z_1, Z_2 e Z_3 = matrizes de incidência, respectivamente, aos efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente materno;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

As seguintes pressuposições foram assumidas:

$$\begin{bmatrix} y \\ d \\ m \\ mp \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} eV \begin{bmatrix} d \\ m \\ mp \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G_d & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A \otimes G_m & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_v \otimes Q & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_n \otimes R \end{bmatrix}$$

G_d= matriz de covariâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

G_m= matriz de covariâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

Q = matriz de covariâncias de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

R = matriz de covariâncias de efeitos aleatórios residuais;

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

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

I_n = matriz identidade, cuja ordem é o número de observações;

⊗ = operador produto de Kronecker.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

As estimativas de variância aditiva direta (σ^2_a) apresentaram valores de P205(97,90), P365(274,07) eP550(543,30), com crescimento entre as idades avaliadas (Tabela 2). Este resultado é superior ao observado em animais da mesma raça por Amaral et al. (2014) que,por análises unicaracterísticas, reportaram valores entre 83,98 a 211,16. Esta mesma tendência foi descrita na literatura para animais da raça Nelore (Boligon et al., 2009 ePedrosaet al., 2014). Valores altos de variância aditiva direta denotam grande variabilidade genética, indicando que esta população poderá responder bem à seleção para características de crescimento.

As estimativas de variância aditiva materna (σ^2_m) apresentaram tendência de crescimento ao longo dos pesos avaliados P205(59,44), P365(61,7) e P550(75,79). Valores superiores foram obtidos por Garcia et al. (2003), avaliando animais Nelore Mocho, com variância aditiva materna igual 143,16 para P205.O comportamento da variância aditiva materna foi semelhante ao observado por Valente et al. (2008) com aumento ao longo das idades. Diferentemente, Gonçalves et al. (2011) observaram queda desta estimativa de P205(255,71) para P365(244,47) e posterior aumento para P550(790,47), para animais Nelore no Norte de Minas Gerais, mas com valores superiores ao encontrado neste estudo.

Tabela 2. Estimativas de variâncias genética direta (σ^2_a), genética materna (σ^2_m), de ambiente permanente materno (σ^2_{mp}) e fenotípica (σ^2_p), herdabilidade direta (h^2d), herdabilidade materna (h^2m), proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica (mp^2) e variância residual (e^2),obtidas por modelosbicaraterísticos para animais Nelore Mocho

Pesos	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mp}	σ^2_p	h^2d	h^2m	mp^2	e^2
P205	97,90	59,46	46,40	451,24	0,21±0,01	0,13±0,00	0,10	0,14
P365	274,07	61,67	43,59	702,38	0,38±0,00	0,08±0,19	0,06	0,33
P550	543,30	75,79	48,88	1398,30	0,39±0,00	0,05±0,19	0,03	0,67

As estimativas para variância de ambiente permanente materno (σ^2_{mp}) apresentaram queda de P205 a P365, com posterior aumento para P550 (Tabela 2). Estes resultadossão inferiores aos de Souza et al. (2011) que, avaliando animais Nelore,observaram crescimento desta característica com valores de 86,8 para P205, 230,2 para P365 e 296,7 para P550 dias.Tendência diferente foi observada por Albuquerque & Meyer (2001), avaliando animais da raça Nelore,cujas estimativas de

variância de ambiente permanente materno aumentaram até os 150 dias de idade e mantiveram-se praticamente constantes até os 240 dias, diminuindo após esta idade. Por outro lado, Menezes et al. (2013) obtiveram aumento abrupto das estimativas de ambiente permanente materno, a partir dos 480 dias em bovinos da raça Tabapuã.

Houve crescimento constante nas estimativas de variância fenotípica (σ^2_p) em relação à idade dos animais (Tabela 2), concordando com os resultados de Sousa Júnior et al. (2010) em animais Tabapuã, utilizando modelos bicaracterísticos, que relataram aumento nos valores de variância fenotípica.Esse aumento foi atribuído, principalmente, à progressão das variâncias genéticas aditivas direta e residual, ao longo dos pesos avaliados. Valores inferiores foram reportados por Carvalho et al. (2013), avaliando animais Nelore em diferentes regiões do Brasil com valor máximo de 403,12.

Nas estimativas de herdabilidade direta (h^2_d),foram observados valores de 0,21, 0,38 e 0,39 para osP205, P365 e P550, respectivamente (Tabela 2).A tendência de crescimento das estimativas de herdabilidade direta também foi relatada por Caires et al. (2012) que, avaliando animais Tabapuã, observaram aumento nos valores de herdabilidades diretas, com maior valor 0,36, para o peso aos 550 dias de idade. Valores semelhantes foram reportados por Malhado et al. (2005b) para o peso aos 205 dias de idade, na variedade Nelore Mocho no estado da Bahia, de 0,24, e por Araújo et al. (2014), para animais Nelore no centro-oeste do Brasil, 0,36; 0,31 e 0,38 para pesos 210, 365 e 550 dias de idade.

Lira et al. (2008), em 67 trabalhos com zebuínos, encontraram estimativas médias de herdabilidade direta de 0,28, 0,31 e 0,35,para P205, P365 e P550, respectivamente.Respostasmoderadasesemelhantesparaa seleçãosão esperadasao selecionarpara pesosnas trêsidades avaliadas, uma vez que as herdabilidadesforam semelhantes ede média magnitude.

As estimativas de herdabilidades maternas (h^2m) foram maiores do que aqueles relatados por Amaral et al.(2014),que relataram herdabilidadede0,12 parao desmame (Tabela 2); e por Malhado et al. (2008),que verificaram valor de 0,16 para animais Nelore Mocho, no estado da Bahia, em análises por modelos unicaraterísticos.Valores inferiores foram observados por Silva et al. (2013) em animais Nelore para peso 205 (0,03), 365 (0,06) e 550 (0,02). A tendência de descréscimo da herdabilidade materna com o aumento da idade é descrita na literaturae os valores encontrados neste estudo estão dentroda amplitude descrita na literatura de 0,11 a 0,14 (Boligon et al., 2011;

Caetano et al. 2012). Os valores encontrados de herdabilidade materna denotam maior dificuldade de seleção direta para esta característica.

As estimativas de proporção da variância de ambiente permanente materno (mp^2) em relação à variância fenotípica total apresentaram valor máximo à desmama (Tabela 2). Após a desmama, a variância do ambiente materno diminuiu gradualmente até os 550 dias de idade, o que é esperado porque o animal passa a não sofrer mais influência materna. O mesmo comportamento foi relatado por Mota et al. (2013), avaliando animais da raça Simental através de modelos multicaraterísticos. Estes autores observaram valores de proporção da variância de ambiente permanente materno (mp^2) em relação à variância total de 0,13 ao desmame, 0,07 aos 12 meses e 0,03 aos 18 meses.

As estimativas de proporção de variância residual (e^2) aumentaram conforme o aumento das idades dos animais (Tabela 2), com valores de 0,14 paraP205 e 0,67 para P550. Essa tendência de aumento da variância residual em relação à variância fenotípica é relatada por Garnero et al. (2011), avaliando animais Nelore, através de modelos uni e bicaracterísticos.

As estimativas de correlações genéticas direta foram altas e positivas, indicando alto grau de associação entre as três caraterísticas avaliadas (Tabela 3). Santos et al. (2005), avaliando animais Nelore Mocho, obtiveram valores próximos aos encontrados neste trabalho, P205-P365 0,90, P205-P550 0,81, P365-P550 0,97. As correlações estimadas nesse estudo foram altas, indicando que os genes responsáveis por maiores pesos aos 205 dias de idade são os mesmos atuantes nas demais idades.

Dessa forma, pode-se dizer que a seleção para o aumento do peso em idade mais jovem leva ao aumento do peso adulto, o que está de acordo com resultados obtidos por Boligon et al. (2008); Pereira et al. (2010) e Pedrosa et al. (2010).

Tabela 3- Estimativas de correlações genéticas aditivas diretas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) obtidas via modelos bicaraterísticos para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade em animais Nelore Mocho.

Pesos	**P205**	**P365**	**P550**
P205	-	0,97±0,04	0,94±0,04
P365	0,73±0,00	-	0,99±0,05
P550	0,50±0,00	0,87±0,00	-

As estimativas de correlações fenotípicas para os pesos foram de média a alta magnitudes, com tendência de serem maiores em idades mais próximas, como observado porSantos et al. (2005) que, avaliando animais Nelore Mocho, obtiveram valores de correlações fenotípicas inferiores, P205-P365-0,75, P205-P550-0,65 e P365-P550 0,87.

Tabela 4- Estimativas de correlações genéticas maternas (acima da diagonal) e ambiente permanente materno (abaixo da diagonal), obtidas via modelos bicaraterísticospara os pesos aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade, em animais Nelore Mocho.

Pesos	**P205**	**P365**	**P550**
P205	-	0,97±0,09	0,91±0,13
P365	0,97±0,13	-	0,98±0,03
P550	0,91±0,19	0,98±0,10	-

As correlações maternas apresentaram valores superiores a 0,91 (Tabela 4). Estes valores são semelhantes aos descritos na literatura por Albuquerque & Meyer (2001) eBaldi Rey et al. (2010) em trabalhos avaliando bovinos de corte. Estes autores encontraram estimativas semelhantes, de alta magnitude e positivas para estas caraterísticas.

As estimativas de correlações de ambiente permanente materno foram altas (>0,91) (Tabela 4). Estesresultados corroboramCosta etal. (2011), Mota et al. (2013) e Menezes et al. (2013), que relataram estimativassuperiores a0,90 paraas correlações de ambiente permanente materno entrepeso à desmamaepesosemum e dois anosde idade.

As correlaçõesgenéticas aditivasdiretas ematernasentretodos os pares depesosforam acima de 0,70, o que indica um alto grau deassociação entre astrês características. Isso sugereque o uso dequalquer um delescomo critério de seleçãoresultará emresposta correlacionadanosoutros, mas a indicação é fazer seleção na menor idade possível para que se possa aumentar o ganho genético, coma diminuiçãodo intervalo entre gerações.

CONCLUSÕES

Os modelos bicaraterísticos são capazes de estimar parâmetros genéticos para os pesos 205, 365 e 550 dias de idade de animais Nelore Mocho.Ganhos genéticos são esperados ao usar características de crescimento, avaliadas como critério de seleção.

Existe variabilidade genética para a seleção através do efeito direto, e a seleção em idades menores possibilita a redução do intervalo de geração, como consequente aumento no ganho genético.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIACAO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU - ABCZ. Estatísticas. 2012. Disponível em: <www.abcz.org.br/ conteudo/tecnica/estatisticas.html>. Acessoem: 29 abr. 2015.

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

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

AMARAL, R. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H.M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde Produção Animal,** Salvador, v.15, p.261-271, 2014.

ARAÚJO, C. V.; LÔBO, R. B.; FIGUEIREDO, L. G. G.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de bovinos da raça Nelore na região centro-oeste do Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v.15, n.4, p.846-853, 2014.

BALDI REY, 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., ALBUQUERQUE, L.G., MERCADANTE, M.E. et al. Models for genetic evaluation of Nelore cattle mature body weight. Journal Animal Scence. v. 86: 2840-2844, 2008.

BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; BALDI, F.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 39, n. 5, p. 145-148, 2009.

BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; FORNI, S. et al. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 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.

CAETANO, S. L.; SAVEGNAGO, R. P.; BOLIGON, A. A. et al. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 155, p-1-7. 2012.

CAIRES, D. N.; MALHADO, C. H. M.; SOUZA, L. A. et al. Tabapuã breed in Northeastern Brazil: genetic progress and population Structure. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.41, p.1858-1865, 2012.

CARVALHO, C. V. D., BITTENCOURT, T. C. C. LÔBO, R. B. et al. Interação genótipo-ambiente sobre os pesos aos 205 e 365 dias de idade em bovinos da raça Nelore em diferentes regiões do Brasil. **Revista Brasileira de Saúde Produção Animal**, Salvador, v.14, n.1, p.10-20., 2013.

COSTA, R.B.; MISZTAL, I.; ELZO, M.A. et al. Estimation of genetic parameters for mature weight in Angus cattle. **Journalof Animal Science**, v.89, p.2680-2686, 2011.

GARCIA, F.Q.; FERRAZ-FILHO,P.B.; SOUZA, J.C.; et al. Tendência dos efeitos genéticos diretos e maternos do peso a desmama de Bovinos da raça Nelore Mocha na região pecuária Campo Grande e Dourados – Mato Grosso do Sul. **ArchivesofVeterinary Science**, v.8, p. 93-97, 2003.

GARNERO, A.V., MÛNOZ, M.C.C.D., MARCONDES, C.R. et al. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós-desmama na raça Nelore. **Archiv Zootecnia**. n. 59(226), p-307-310, 2010.

GONÇALVES, F.M.; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G.; et al.Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootenia**. v.63, n.1, p.158-164, 2011

IBGE-Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pecua/default.asp>Acesso em: 30/10/2014.

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

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R. et al. Tendência e parâmetros genéticos para o peso aos 205 dias de idade em bovinos da raça Nelore Mocho no Estado da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**, v.7, p.28-34, 2005a.

MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D.M.M.R.; SOUZA, J.C. de; OLIVEIRA, S.M.P. Tendência genética para características relacionadas à velocidade de crescimento de bovinos Nelore na região Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.60-65, 2005b.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; PEREIRA, D.G. et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no estado da Bahia. **PesquisaAgropecuáriaBrasileira**, v.43, n.9, p.1163-1169, 2008.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, **Journal Zhejiang University SCIENCE B**, v.8, p.815-821, 2007.

MENEZES, G. R. O., TORRES, R. A., TORRES JUNIOR, R. A. A., et al. Estimation of genetic parameters for growth traits in Tabapuã cattle using a multi-trait model. **RevistaBrasileira de Zootecnia**, v.42, p.570-574, 2013.

MOTA, R. R.; MARQUES, L.F.A.; LOPESP.S., DA SILVA, FL.P.; NETO, F.R.A.; RESENDE, M.D.V.; TORRES, R.A. Genetic evaluation using multi-trait and random regression models in Simmental beef cattle. **Genetics and Molecular Research**.v.12, p- 2465-2480, 2013.

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

PEDROSA, V.B.; ELER, J.P.; SILVA, J. A. II de V. *et al*. Estimação dos parâmetros genéticos do peso adulto na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal,** v.11, p.104-113, 2010.

PEDROSA, V. B.; ELER, J.P.; FERRAZ, J. B. S. et al. Utilização de modelos unicaracterística e multicaraterística na estimação de parâmetros genéticos na raça Nelore.**Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.66, p.1802-1812, 2014.

PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; BIGNARDI, A.B. et al. Hip height and its relationships with reproductive and growth traits inNelore cattle.**Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.613-620, 2010.

RAMÍREZ-VALVERDE R.; HERNANDEZ-ALVAREZ, O.C.; NUNEZ DOMINGUEZ, R. et al. Análisisunivariadovs multivariado enlaevaluación genética de variables de crecimientoen dos razas bovinas. **Agrociencia**, v.41, p.271-282, 2007.

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.864-874, 2002.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.M.;CARNEIRO, P.L.S. et al.Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça Nelore variedade mocha.**ArchivesofVeterinary Science** v. 10, n. 2, p. 55-60, 2005.

SILVA, R. M.; SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C. et al. Parâmetros e tendências genéticas para pesos de várias idades em bovinos Nelore**. Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v.14, n.1, p.21-28 jan./mar., 2013.

SOUZA, J.C., SILVA, L.O.C., GONDO, A.,. Parâmetros e tendência genética de peso de bovinoscriados á pasto no Brasil.Archivesof Zootecnia.n.60 (231),p-457-465. 2011.

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

STATISTICAL Analysis System - SAS. **SAS user´s guide**. Version 9.2. Cary: 2008.

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

CAPÍTULO II

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM BOVINOS NELORE MOCHO UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

RESUMO-Objetivou-seestimar parâmetros genéticos para curva de crescimento de10.839 registros de bovinos Nelore Mocho, nascidos entre 1975 a 2011, no Nordeste do Brasil, com idades entre 60 e 653 dias, de 1.924 animais, para estimativa de parâmetros genéticos, empregando modelos de regressão aleatória. Os modelos incluíram, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente permanente de animal e de ambiente permanente materno e, como fixos, os efeitos de grupo contemporâneo e a idade da vaca ao partocomo covariável. As variâncias residuais forammodeladas como homogênea ou por funções de variâncias com ordens de 2 a 6. Análises com polinômios ortogonais de diversas ordens foram realizadas para os efeitos: genético aditivo direto, genético aditivo materno, de ambiente permanente de animal e de ambiente permanente materno. Os modelos foram comparados pelos Critérios de Informação Bayesiano de Schwarze Akaike e Logaritmo da Função de Verossimilhança. O modelo de melhor ajuste indicado pelos critérios foi o que considerou o efeito genético aditivo direto ajustado por um polinômio quadrático.Para o efeito genético materno, efeito de ambiente permanente de animal e o efeito de ambiente permanente materno foi o ajustado por polinômio 2. As estimativas de variância aditiva direta, variância ambiente permanente animal e variância fenotípica foram sempre crescentes, conforme avanço das idades. As estimativas de herdabilidade, para o efeito direto,foram maiores no final do período estudado, com valor de 0,77 aos 550 dias de idade. As estimativas de herdabilidade materna foram sempre baixas, com valores próximos a zero. As correlações genéticas variaram de moderadas a altas. Maior eficiência na seleção para pesos pode ser obtida considerandoas estimativas de variância genética e herdabilidade em idades próximas ao desmame. Nesta fase, os valores foram crescentes.

Palavras-chave:peso,dados longitudinais, herdabilidade, correlação genética, polinômios ortogonais

CHAPTER II

GENETIC PARAMETERS FOR WEIGHT IN POLLED NELORE CATTLE USING RANDOM REGRESSION MODELS

ABSTRACT-The objective was to estimate genetic parameters for growth curve of 10,839 records of Polled Nellore cattle born between 1975 to 2011, in the Northeast of Brazil, aged 60 and 653 days, of 1,924 animals to estimate genetic parameters, using regression models random. The models included, as random genetic direct and maternal effects, animal permanent environmental and maternal permanent environment, as fixed, the contemporary group effects and cow age at calving as a covariate. The residual variances were modeled as a homogeneous or orders with variances functions from 2 to 6. analysis with orthogonal polynomials of different orders were made for the direct additive genetic effects, maternal additive genetic, animal permanent environmental and maternal permanent environment. The models were compared by Bayesian Information Criteria Schwarz and Akaike and logarithmic likelihood function. The best model indicated by the adjustment criteria was what he considered the direct additive genetic effect adjusted by a quadratic polynomial. For the maternal genetic effect, animal permanent environmental effect and the effect of maternal permanent environment was set by polynomial 2. Estimates of direct additive variance, variance Animal permanent environmental and phenotypic variance were ever increasing as advancing age. Heritability estimates for direct effect were higher at the end of the study period, with a value of 0.77 at 550 days of age. Estimates of maternal heritability were always low, with values close to zero. Genetic correlations ranged from moderate to high. More efficient selection for weights can be achieved considering the estimates of genetic variance and heritability in close in age at weaning, at this stage the figures were increasing.

Keywords: weight, longitudinal data, heritability, genetic correlation, orthogonal polynomials

INTRODUÇÃO

A pecuária impõe constante busca por eficiência em qualquer atividade econômica, especialmentea bovinocultura de corte, para a qualsão impostos desafios diários. Nesse sentido, a concorrência com a cadeia produtiva do frango e suínos, a limitação da expansão das fronteiras agrícolas, devido principalmenteà maior consciência ambiental e,ainda, a competição por terra com outras atividades agropecuárias são obstáculos que serão superados com o constante incremento da eficiência. Esta realidade exige o máximo de todas as áreas que englobam a cadeia produtiva de carne. Neste cenário, o melhoramento genético é um dos responsáveis pelos avanços já obtidos e é uma ferramenta para aumento da eficiência da atividade.

Em programas de melhoramento genético, os pesos corporais tomados ao longo da vida dos animais são as principais fontes de informação. Tradicionalmente, essascaracterísticas são analisadas utilizando abordagem bi ou multicaraterísticas, considerando pesos às idades-padrão (Albuquerque & Meyer, 2001). Mas esta metodologiapode diminuir a precisão na avaliação genética dos animais, devido à eliminação de informações (Bertipaglia et al. 2012).

Neste contexto, surgem os modelos de regressão aleatória, que não requererem o pré-ajuste dos pesos, o que permite maior acurácia das informações, além de descrever o comportamento dos componentes de variância ao longo da trajetória de crescimento, estimando e predizendo com maior acurácia os parâmetros e valores genéticos, e identificando as fases de crescimento do animal em que há maior variabilidade genética, para realização da seleção (Baldi Rey et al. 2010).

No Brasil, a regressão aleatória vem sendo utilizada com frequência em estudos para bovinos de corte e alguns autores relataram que esta metodologia se mostrou adequada para descrever as mudanças nas variâncias dos pesos corporais em função da idade (Dias et al. 2006; Boligon et al. 2011; Baldi Rey et al. 2010 e Sousa Júnior et al. 2010). Lourenço et al. (2010) acrescentam que a regressão aleatória contribui significativamente para o processo de aceleração do progresso genético em bovinos de corte e leite, aves, suínos, peixes, caprinos, ovinos e outras espécies economicamente importantes.

No entanto, não há estudos científicos que envolvam análises de pesos através de modelos de regressão aleatória, avaliando animais Nelore Mocho no Nordeste do Brasil.

Portanto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos para pesos em bovinos Nelore Mocho, utilizando modelos de regressão aleatória, como forma de fornecer subsídios para a elaboração de diretrizes aos programas de melhoramento genético da raça.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas medidas de peso de animais Nelore Mocho provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Zebu – ABCZ, dos 60 aos 653 dias de idade, criados no Brasil na região Nordeste, nascidos entre 1975 e 2011.

O grupo de contemporâneos foi definido por: fazenda, sexo, época e ano de nascimento, mês e ano de pesagem, e regime alimentar,em um total de 153 níveis de grupo de contemporâneos (GC).As seguintes restrições foram estabelecidas para a permanência do animal:mínimo de duas pesagens, e mínimo de três animais porgrupo de contemporâneo, totalizando10.839 registros. Animais que apresentaram perda de peso entre as pesagens foram excluídos(Tabelas 1 e 2).A preparação dos dados foi realizada no programa SAS (SAS, 2001).

Tabela 1- Estrutura do arquivo para análise de regressão aleatória, com relação ao número de registros por animal

Análise de dados	**Número de animais**	**Porcentagem (%)**
Animais com 3 registros	7	0,4
Animais com 4 registros	140	7,3
Animais com 5 registros	540	28,1
Animais com 6 registros	1101	57,2
Animais com 7-10 registros	136	7,0
Total	1924	100

A estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos foi realizada pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), usando algoritmo EM e, posteriormente, AI-modificado, obtidos pelo programa WOMBAT, desenvolvido por Meyer (2007), considerado como critério de convergência (10^{-5}).

Tabela 2-Número de registros de matrizes, número de touros, grupo de contemporâneos (GC), total de animais e total de observações para curva de crescimento de bovinos Nelore Mocho

Informações	**Número de registros**
Número de Matrizes	145
Número de touros	47
Grupo de Contemporâneos	153
Total de animais	3626
Total de Observações	10.839

As regressões fixas foram ajustadas por modelos mistos,e foram testadas ordem três, quatro ou cinco, e o aumento na ordem de polinômio da curva fixa não resultou em melhora significativa de R^2. E um modelo de regressão aleatória foi ajustado para cada um dos efeitos aleatórios, cujas covariáveis foram descritas por polinômios de Legendre, de ordem(segunda a quarta), ou seja, k_d= 2, 3 e 4, respectivamente.O modelo utilizado considerou o efeito fixo de grupos de contemporâneos, a covariável a idade da vaca ao parto.

As variâncias residuais foram modeladas utilizando 6 níveis. A classe com 6 níveis foi construída agrupando-se as idades-padrão, sendo utilizadas: CL1, para homogênea; CL2, 60-149 e 150-653 dias; CL3, 60-149, 150-299 e 300-653 dias; CL4, 60-149, 150-299, 300-499 e 500-653 dias; CL5, 60-149, 150-299, 300-419, 420-499 e 500-653 dias; CL6, 60-149, 150-299, 300-419, 420-499 e 500-649, 650-819 dias de idade, sendo CLm a modelagem de heterogeneidade de variância, em que "m" representa o número de classes, com o objetivo de verificar se as variâncias residuais alteram com a idade.

Os modelos com diferentes ordens de ajustes para os polinômios foram comparados pelos critérios Máximo do Logaritmo da Função de Verossimilhança (Log L), dos Critérios de Informação de Akaike (AIC), Informação Bayesiano de Schwarz (BIC). As estatísticas, Log L, AIC e BIC foram obtidas pelo softwareWOMBAT.

O modelo de regressão aleatória foi descrito assim:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{k_{\beta-1}} \beta_m \, \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_{d-1}} d_{im} \phi_m \, (a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_{m-1}} m_{im} \, \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{K_{mp-1}} mp_{im} \, \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_{p-1}} P_{im} \, \phi_m(a_{ij}^*) m + e_{ij}$$

Em que:

y_{ij} = peso no $j^{ésimo}$ dia do $i^{ésimo}$ animal;

F_{ij} = conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (sexo, rebanho, mês e ano de nascimento, mês e ano de pesagem, fazenda e condição de criação) e pela covariável de idade da vaca ao parto, considerando efeito linear e quadrático;

β_m = $m^{ésimo}$ coeficiente de regressão fixo da curva média de crescimento da população;

d_{im}, m_{im}, m_{pim} e p_{im} = coeficientes de regressão aleatória, referentes aos efeitos: genético aditivo direto, genético aditivo materno, de ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente, para o $i^{ésimo}$ animal;

k_d, k_m, k_{mp} e k_p = ordens das funções de covariâncias utilizadas para descrever, respectivamente, os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto;

a^*_{ij}= idade j do animal i;

$\phi_m(a_{ij})$= polinômios de Legendre avaliados para $a_{ij}*$, para a regressão fixa e os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, considerando as ordens das funções de covariâncias k_d, k_m, k_{mp} e k_p, respectivamente;

e_{ij} = vetor efeito aleatório residual.

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

$$y = X\beta + \Phi_1 d + \Phi_2 m + \Phi_3 mp + \Phi_4 p + e$$

Sendo o vetor y composto sequencialmente por idades dentro de indivíduo, tem-se a seguinte estrutura de médias e variâncias:

$$E\begin{bmatrix} y \\ d \\ m \\ mp \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} eV\begin{bmatrix} d \\ m \\ mp \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\otimes k_d & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A\otimes k_m & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_{Nm}\otimes k_{mp} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_{Nd}\otimes k_p & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Em que:

y = vetor de observações;

β = vetor de efeitos fixos que contém os coeficientes βm da regressão fixa;

d = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos;

m = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos;

mp= vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno;

p = vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente direto;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais;

X, Φ_d, Φ_m, Φ_{mp} e Φ_p = matrizes de incidência para os coeficientes polinomiais dos efeitos fixos, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;

K_d, K_m, K_{mp} e K_p = matrizes de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright entre os indivíduos;

IN_d = matriz identidade de dimensão d (número de animais com registro);

IN_m= matriz identidade de dimensão m (número de vacas com filhos com registro);

R = matriz diagonal de variâncias residuais;

$\otimes$ = operador produto de Kronecker.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No banco de animais Nelore Mocho, houve maior concentração de registros entre os 150 e 240 dias de idade, com decréscimo no número de registros a partir dos 550 dias (Figura 2). As médias de pesos ao longo da curva de crescimento estão dentro da amplitude relatada na literatura por Amaral et al. (2014), com média de 168,78 kg aos 205 dias e 307,25 kg aos 550 dias, para bovinos Nelore Mocho do nordeste brasileiro, e Santos et al. (2005), para bovinos da variedade Nelore Mocho na Bahia.

O modelo considerando homogeneidade de variâncias residuais promoveu maiores valores de AIC e BIC, indicando que as variâncias residuais foram distintas no decorrer do crescimento de bovinos Nelore Mocho (Tabela 3).Estes resultados estão de acordo com os relatados por Albuquerque & Meyer (2001), Nobre et al. (2003), Sakaguti et al. (2003), Cyrilloet al. (2004) e Dias et al. (2006), que também sugerem que as variâncias residuais não são constantes. A alteração das variâncias residuais pode

ser resultadode tratamentos diferenciados recebidos ao longo da vida sem que esses tratamentos sejam corretamente considerados.

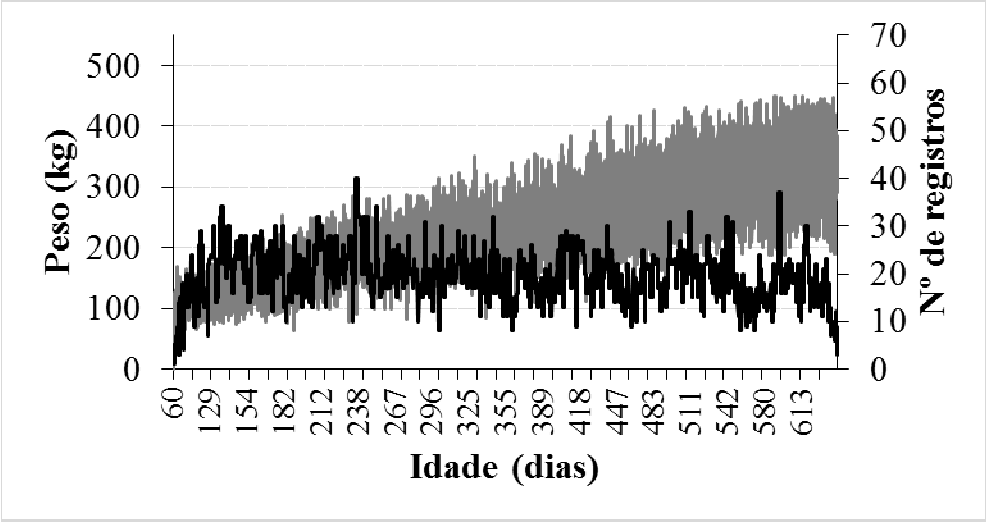

Figura 1- Número de registros (preto) e peso, em kg (cinza), para curva de crescimento de animais Nelore Mocho.

Os valores do Máximo da Função do Logaritmo de Verossimilhança (Log L), de modo geral, foram menores em modelos menos parametrizados. Conforme os critérios de AIC e BIC, o modelo mais adequado para os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente animal é o de 4, 2, 2 e 2 ordens com 6 níveis (leg4222_6), de variância residual, sendo o modelo mais parcimonioso, com 25 parâmetros. Segundo Legarra et al. (2004), modelos mais parcimoniosos devem ser preferidos, pois um ajuste melhor diminui a demanda computacional e a suscetibilidade a erros numéricos.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas (σ^2_a) apresentaram crescimento ao longo da curva de crescimento, com abrupto crescimento a partir dos 543 dias de idade (Figura 3).Tendência de crescimento foi descrita na literatura para animais da raça Nelore (Albuquerque & Meyer, 2001; Nobre et al., 2003 eCyrillo et al., 2004) e para raça Tabapuã (Dias et al., 2006 e Sousa Júnior et al., 2010), avaliados através de modelos de regressão aleatória. Essas estimativas demonstram variabilidade genética, e que, provavelmente, poderá se obter resposta à seleção para características de crescimento.

As estimativas de variâncias fenotípicas (σ^2_p) apresentaram aumento gradativo em relação à idade dos animais (Figura 3). Um rápido aumento foi observado na variância genética aditiva após 543 dias de idade, refletindo na estimativa de variância

fenotípica. O acentuado crescimento no final do período pode ter ocorrido pela escolha de modelagens compolinômios de alto grau, que geram estimativas erráticas ao fim do período,em conjuntos de dados desbalanceamento do número de registros, em razão do fenômeno de Runge, descrito porBoor (2001). Tendência semelhante foi encontrada por Mota et al. (2013), avaliando animais da raça Canchim; e Bertipaglia et al. (2012), avaliando animais da raça Brahman, com variância aditiva e fenotípica crescente ao longo da curva de desenvolvimento ponderal.

Tabela 3-Ordem do polinômio para os efeitos genéticos aditivo direto (kd) e aditivo materno (km) e de ambiente permanente direto (kp) e materno (kmp), número de parâmetros (Np); Máximo Logaritmo da Função de Verossimilhança (Log L), Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC) para os modelos estudados

Modelo	**Log L**	**NP**	**AIC**	**BIC**
Leg2222	-39.457,308	13	78.940,616	79.035,208
Leg3222	-39.046,364	16	78.124,728	78.241,148
Leg3322	-39.044,778	19	78.127,556	78.265,804
Leg4222	-38.916,748	20	77.873,496	78.019,020
Leg4223	-38.916,714	23	77.879,428	78.046,782
Leg4224	-38.921,714	27	77.897,428	78.093,886
Leg4232	-38.916,735	23	77.879,470	78.046,824
Leg4233	-38.916,858	26	77.885,716	78.074,898
Leg4242	-38.935,379	27	77.924,758	78.121,216
Leg4322	-38.914,885	23	77.875,770	78.043,122
Leg4332	-38.915,984	26	77.883,968	78.073,150
Leg4334	-38.914,942	33	77.895,884	78.136,000
Leg4342	-38.931,180	30	77.922,360	78.140,648
Leg4422	-38.993,023	27	78.040,046	78.236,504
Leg4432	-38.946,892	30	77.953,784	78.172,070
Leg4442	-38.950,883	34	77.969,766	78.217,158
Leg4444	-38.918,975	41	77.919,950	78.218,276
Leg4222_2	-38.915,812	21	77.873,624	78.026,424
Leg4222_3	-38.825,823	22	77.695,646	77.802,648
Leg4222_4	-38.794,647	23	77.635,294	77.802,648
Leg4222_5	-38.783,604	24	77.615,208	**77.789,838**
Leg4222_6	**-38.782,595**	25	**77.615,190**	77.797,096

$Leg_{kdkpkmkmp}$_r: ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivo direto (kd), de ambiente permanente direto (kp), genético aditivo materno (km) e de ambiente permanente materno (kmp). Np número de parâmetros. Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em ln L, AIC, BIC. _indica modelo com variância residual heterogênea.

Nas estimativas de variância aditiva materna (σ^2_m), observaram-se valores próximos a zero em todo o período avaliado (Figura 3). Em contrapartida, Nobre et al. (2003) encontraram estimativas de variâncias genéticas maternas, com crescimento constante do nascimento à idade adulta, em bovinos da raça Nelore. Já Dias et al. (2006) observaram estimativas de variâncias genéticas maternas, aumentando até próximo aos

200 dias de idade, com leve tendência de queda nas idades futuras, voltando a aumentar no final do período estudado de 580 dias.

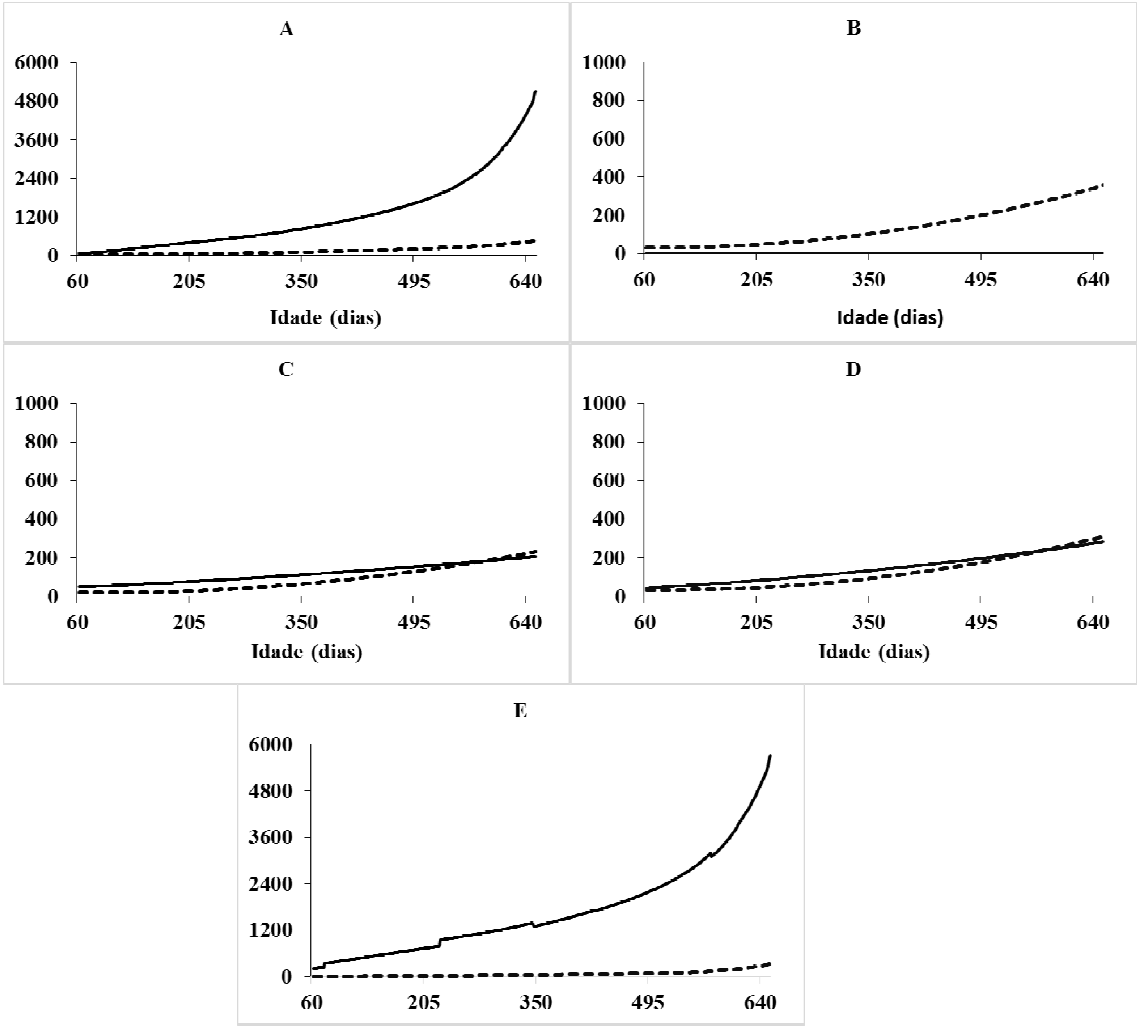

Figura 2- Estimativas de variâncias genética direta (A), genética materna (B), ambiente permanente animal (C), ambiente permanentematerno (D), fenotípica (E) e erro-padrão (pontilhado), obtidas por modelos de regressão aleatória, sob o modelo 4222_6, para a curva de crescimento de animais Nelore Mocho.

As estimativas de variâncias de ambientes permanentes maternos (σ^2_{mp}) apresentaram tendência de crescimento (Figura 3).Estes valores são inferiores aos relatados por Cyrillo et al. (2004),que obtiveram crescimento contínuo até os 6-7 meses de idade, diminuindo gradualmente após este período, para machos da raça Nelore.Diferentemente do encontrado no atual estudo,Baldi Rey et al. (2010) observaram valor máximo à desmama, após esta, a variância do ambiente materno

diminuiu gradualmente até os 24 meses de idade, mesmo comportamento relatado por Albuquerque & Meyer (2001), Dias et al. (2005) e Boligon et al. (2009).

As estimativas para o efeito de ambiente permanente de animal (σ^2_{ap}) apresentaram aumento em função da idade (Figura 3).Albuquerque & Meyer (2001) e Cyrillo et al. (2004), avaliando animais da raça Nelore, relataram tendências semelhantes ao encontrado neste trabalho.

As estimativas de herdabilidades diretas (h^2_d) foram crescentes, valores superiores aos relatados por Ambrosini et al (2012) para animais Nelore Mocho do Nordeste do Brasil,avaliados por modelos de normade reação, via regressão aleatória, os quaisrelataram valores de 0,11 para peso 365 dias (Figura 4). Houve tendência de crescimento, conforme o aumento da idade dos animais, com uma leve queda aos 77 e 226 dias de idade. Essas herdabilidades de magnitude moderada a alta são reflexos dos altos valores de variância genética aditiva. Pelicioni et al. (2009), trabalhando com modelos de regressão aleatória para pesos de bovinos da raça Guzerá, obtiveram herdabilidades crescentes até 200 dias (0,03 a 0,52). Vários autores relataram estimativas de herdabilidades diretas com tendência de redução até a desmama e posterior aumento até o sobreano (Meyer, 2001; Albuquerque &Meyer, 2001; Nobre et al., 2003 e Albuquerque & El Faro, 2008).

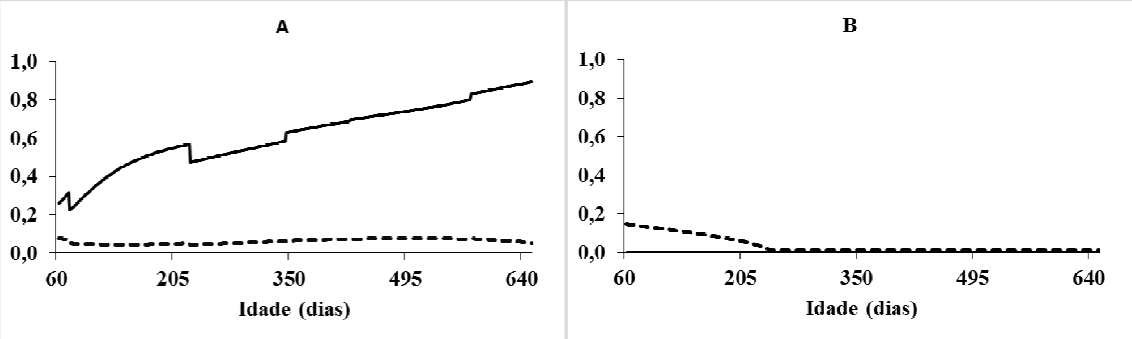

Figura 3-Estimativas de herdabilidade aditiva direta (A) e materna (B) e erro-padrão (pontilhado) obtidas por modelos de regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6, para curva de crescimento de animais Nelore Mocho.

Os valores de herdabilidades maternas (h^2_m) foram sempre próximos a zero (Figura 4).Boligon et al. (2009) e Baldi Rey et al. (2010), avaliando bovinos de corte por meio de regressão aleatória, encontraram valores máximos de herdabilidade materna no período de desmama, respectivamente, 0,16 e 0,11, com uma queda abrupta posteriormente e incremento após os 400 dias de idade. Entretanto, Nobre et al. (2003),avaliando animais de raças zebuínas no Brasil, obtiveram aumento da

herdabilidade materna do nascimento até próximo aos 240 dias (0,08 a 0,12) e decrescendo em idades posteriores (0,11 a 0,07).

Tabela 4- Estimativas de herdabilidade direta (h^2d) e materna (h^2m) e proporção da variância de ambiente permanente materno (mp^2) e residual (e^2), em relação à variância fenotípica total, obtidas por regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6, para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade em animais Nelore Mocho

Pesos	h^2d	h^2m	mp^2	e^2
P205	0,54	0,00	0,11	0,32
P365	0,64	0,00	0,10	0,24
P450	0,71	0,00	0,09	0,12
P550	0,77	0,00	0,08	0,07

As estimativas de variâncias de ambientes permanentes maternos, como proporção das variâncias fenotípicas (mp^2), decresceram dos 100 dias de idade ao final do período estudado (Tabela 4). De forma semelhante, Menezes et al. (2013) obtiveram diminuição gradual desta estimativa apartir da desmama. Já Dias et al. (2006), avaliando animais da raça Tabapuã, através de modelos de regressão aleatória, observaram diminuição de 0,06 ao nascimento para 0,01 aos 70 dias de idade e, após este período, aumentaram até por volta de 450 dias de idade, diminuindo nas idades posteriores. Albuquerque & Meyer (2001) relatam, para animais da raça Nelore, que as estimativas de ambiente permanente materno praticamente não mudaram com a idade.

As estimativas de proporção da variância residual (e^2) aumentaram dos 100 dias até 205 dias de idade e, posteriormente,o valor decresceu até 550 dias de idade, com valores entre 0,07 a 0,40 (Tabela 4).

As estimativas de correlação genética direta para os pesos P205, P365 e P450 foram de magnitude moderada a alta (0,60 a 0,97), sugerindo que os efeitos genéticos nessas idades sejam controlados pelos mesmos genes e a seleção para pesos nessas idades pode alterar o peso em idades avançadas na mesma direção(Tabela 5).

Esses resultados estão de acordo com trabalhos realizados com bovinos de corte (Sakaguti et al., 2003; Nephawe et al., 2004; Dias et al., 2006; Baldi Rey et al., 2010; Sousa Júnior et al., 2010 e Mota et al., 2013). Em geral, as correlações genéticas são maiores entre pesos adjacentes e reduzem à medida que as idades se distanciam (Boligon, et al. 2010).

As estimativas de correlação fenotípica diminuíram à medida que os pesos se distanciavam, sendo as correlações entre o peso P100 e os pesos posteriores de baixa magnitude (Tabela 5). Resultados similares foram encontrados por Albuquerque & Meyer (2001) e Cyrillo et al. (2004) para animais da raça Nelore.

Tendência semelhante foi reportada por Dias et al. (2006) que, avaliando animais da raça Tabapuã, obtiveram correlações fenotípicas entre o peso ao nascer e o peso à desmama (0,27) e entre o peso da desmama aos 550 dias de idade (0,13 a 0,26).Já para as idades mais avançadas, as correlações fenotípicas foram maiores, chegando a 0,94 nos períodos entre 240 a 365 dias de idade.

Tabela 5-Estimativas de correlações genéticas aditivas (acima da diagonal) e de correlação fenotípica (abaixo da diagonal), obtidas via modelos de regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6,para diferentes idades de animais da raça Nelore Mocho

Pesos	P205	P365	P450	P550
P205	-	0,91	0,80	0,60
P365	0,57	-	0,97	0,85
P450	0,53	0,78	-	0,95
P550	0,43	0,70	0,81	-

Leg 4222_6 = efeito genético aditivo direto=4, genético materno=2, de ambiente permanente de animal=2, de ambiente permanente materno=2, com seis classes de variância residual.

As estimativas de correlações genéticas maternas entre todas as pesagens foram altas (>0,99) (Tabela 6), corroborando os resultados encontrados por Dias et al. (2006), Sousa Júnior et al. (2010),e Menezes et al.(2013), para animais Tabapuã;por Nobre et al. (2003) eBoligon et al.(2009) na raça Nelore; porBaldi Rey et al. (2010) em bovinos da raça Canchim; e por Mota et al. (2013) em bovinos da raça Simental.

Em contraste,Eler et al.(1995) obtiveram estimativas baixas de correlação genéticamaterna entre os pesos ao nascer e à desmama (0,21), entre peso à desmama e ao sobreano (0,18) e correlaçãoalta entre o peso à desmama e ao ano (0,84) para animaisda raça Nelore. Ressalta-se que asmagnitudes foram inferiores ao relatados no atualtrabalho.

As estimativas de correlações de ambiente permanente materno apresentaram valores próximos à unidade (Tabela 6). Vários autores obtiveram resultados semelhantes em bovinos (Dias et al., 2006, Baldi Rey et al., 2010 e Cyrillo et al., 2004). Boldman et al. (1995) explicam que, em conjuntos de dados com número reduzido de informações, existe tendência para convergência das correlações genéticas maternas e de ambiente permanente materno em valores próximos à unidade.

Tabela 6-Estimativas de correlações genéticas maternas (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal), obtidas via modelos de regressão aleatória, sob o modelo Leg4222_6, para diferentes idades de animais da raça Nelore Mocho

Pesos	P205	P365	P450	P550
P205	-	1	0,99	0,99
P365	1	-	1	0,99
P450	1	1	-	0,99
P550	0,99	1	1	-

Valores altos de correlações, porém,inferiores aos do atual trabalho foram relatados por Albuquerque & Meyer (2001), que obtiveram altas correlações de ambiente permanente materno entre o peso ao nascimento e aos 240, 360 e 550 dias de idade, de 0,84; 0,85 e 0,95, respectivamente, para animais da raça Nelore.

Valores de média a alta magnitude, obtidos até a desmama, evidenciam a forte importância do efeito de ambiente permanente nos pesos, indicando que fatores ambientais permanentes que influenciaram em idades iniciais podem refletir nos pesos em idades avançadas pelo seu efeito residual nos pesos corporais.

Os resultados obtidos para o efeito genético aditivo direto indicam que a seleção para peso pode ser mais efetiva se realizada próximo aos 205 dias de idade, período em que as estimativas da variância genética aditiva e herdabilidade direta apresentaramvalorescrescentes. Pois, quanto mais tarde a seleção for realizada, maior o intervalo entre gerações.

CONCLUSÕES

Os modelos de regressão aleatória com ordens de ajuste 4, para o efeito genético direto, 2 para o genético materno, 2 para o de ambiente permanente de animal e 2 para o de ambiente permanente materno, com 6 classes de variâncias residuais e função de variância de quarta ordem foram mais adequados para descrever as mudanças nas variações nos pesos corporais ao longo das idades, proporcionando modelos parcimoniosos.

De acordo com as mudanças ocorridas nas covariâncias genéticas com a idade, a seleção para pesos poderia ser eficiente se baseada em idades próximas aos 365 dias de idade, pois neste período as estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade aditiva direta apresentaram valores altos, e combinados com altas correlações genéticas.

O que permite identificar os animais de mérito genético para as características de crescimento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

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

AMARAL, R. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H.M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde Produção Animal,** Salvador, v.15, p.261-271, 2014.

AMBROSINI, D. P.; CARNEIRO,P.L. S.; BRACCINI, J. et al. Interação genótipo x ambiente para peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

AMBROSINI, D.P., MALHADO, C. H. M., NETO, J.B., et al. Reaction norms of direct and maternal effects for weight at 205 days in polled nellore cattle in North-eastern Brazil**. Archiv Tierzucht**.v.57,p;1-11, 2014.

BALDI REY, 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.

BERTIPAGLIA, T. S. CARREÑO, L. O. D.; MACHADO, C. H. C. et al. Estimates of genetic parameters for visual scores and their correlation whit production and reproductive traits in Brahman cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia.** v. 41, p- 234-239, 2012.

BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; FORNI, S. et al. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 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.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. *A manual for use for* MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [DRAFT]. Lincoln: **Department of Agriculture / Agricultural Research Service**, 1995. 120p.

BOOR, C. de. **A practical guide to splines**. 2nd ed. New York:Springer, 2001. (Appliedmathematicssciences, 27).

CYRILLO, J. N. S. G., ALENCAR, M. M., RAZOOK, A. G. MERCADANTE, M. E. Z., FIGUEREDO, L. A. Modelagem e Estimação de Parâmetros Genéticos e Fenotípicospara Pesos do Nascimento à Seleção (378 dias) de Machos Nelore. **Revista Brasileira deZootecnia,** v.33, p.1405-1415, 2004.

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

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. **RevistaBrasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 1915-1925, 2006.

ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S.; LÔBO, R.B. Estimation of variancesdue to dierct and maternal effects for growth traits in Nelore cattle. **Journal of AnimalScience**, v.73, p.3253-3258, 1995.

LEGARRA, A.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Construting covariance functions for random regression models for growth in Gelbvieh beef cattle. **Journalof Animal Science**, v.82, p.1564-1571, 2004.

LOURENÇO, D. A. L.; MAIA, F. M. C.; MARTINS, E. N. Regressão aleatória: ferramenta quantitativa para uma melhor utilização da genética animal. In: MARTIN, T. N.; WACLAWOVSKY, A. J.; KUSS, F.; MENDES, A. S.; BRUN, E. J**. Sistemas de produção agropecuária.**UTFPR, p. 177-201, 2010.

MEYER, K. Estimating genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, p. 557-586, 2001.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, **Journal Zhejiang University Science b**, v.8, p.815-821, 2007.

MOTA, R. R.; MARQUES, L.F.A.; LOPESP.S., DA SILVA, FL.P.; NETO, F.R.A.; RESENDE, M.D.V.; TORRES, R.A. Genetic evaluation using multi-trait and random regression models in Simmental beef cattle. **Genetics and Molecular Research**.v.12,p-2465-2480, 2013.

MENEZES, G. R. O.; TORRES, R. A.; TORRES JUNIOR, R. A. A. et al. Estimation of genetic parameters for growth traits in Tabapuã cattle using a multi-trait model **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.42, p.570-574, 2013.

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

NEPHAWE, K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South AfricanJournalofAnimalScience**, v.34, p.166-173, 2004.

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 Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 50-60, 2009.

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.864-874, 2003.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.M.;CARNEIRO, P.L.S. et al.Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça Nelore variedade mocha.**ArchivesofVeterinary Science** v. 10, n. 2, p. 55-60, 2005.

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

V- CONSIDERAÇÕES FINAIS

Quando se compara a utilização dos dois modelos, obicaraterístico e de regressão aleatória, os valores de variância genética aditiva e herdabilidade direta apresentaram valores crescentes para os dois modelos, com valores maiores nas idades mais elevadas. Nesta fase, também as correlações genéticas aditivas foram altas e positivas.Na comparação das variâncias maternas e herdabilidades maternas, os valores foram próximos a zero, nos dois modelos avaliados.Os dois modelos se mostram adequados e possibilitam a obtenção de parâmetros genéticos acurados. MRA possibilita a construção de uma curva, que permite identificar as fases de crescimento do animal em que há maior variabilidade genética para realização da seleção.