Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, reprodução e categóricas em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*) sob abordagem bayesiana e modelos lineares generalizados mistos

Tiago Almeida de Oliveira

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em Ciências. Área de concentração: Estatística e Experimentação Agronômica

Piracicaba
2012

Tiago Almeida de Oliveira
Bacharel em Estatística

Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, reprodução e categóricas em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*) sob abordagem bayesiana e modelos lineares generalizados mistos

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em Ciências. Área de concentração: Estatística e Experimentação Agronômica

Piracicaba
2012

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP**

Oliveira, Tiago Almeida de

Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, reprodução e categóricas em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*) sob abordagem bayesiana e modelos lineares generalizados mistos / Tiago Almeida de Oliveira. -- versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. -- Piracicaba, 2012.
152 p: il.

Tese (Doutorado) -- Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2012.

1. Bovinos de corte 2. Inferência bayesiana 3. Melhoramento Genético animal
4. Modelos lineares generalizados 5. Músculos 6. Perímetro escrotal 7. Teoria de estimação I. Título

CDD 636.2082
O48e

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte -- O autor"

DEDICATÓRIA

*Aos meus pais, **Ednaldo Oliveira e Maria Almeida de Oliveira**, pelo exemplo de vida, por sempre acreditarem em mim, por todo apoio e confiança em mim depositados, pois sem a participação de vocês não teria chegado até aqui.*

*A minha esposa, **Ana Patricia Bastos Peixoto**, por toda a compreensão, companherismo e imensurável amor, com você meus dias se tornam mais felizes.*

*Ao meu irmão, **Fábio Almeida de Oliveira**, pela amizade, incentivo, apoio e inspiração.*

*Aos meus tios, **Nivaldo Araujo Gomes e Luiza Almeida de Araújo**, por serem meus segundos pais e darem todo o suporte quando meus pais se ausentaram.*

*Ao meu primo(irmão), **Gabriel Almeida de Araújo**, por toda o companherismo, amizade, torcida e conselhos, muito obrigado.*

*Aos meus primos queridos, **Aqui representados pela Thaís e o Lucas**, obrigado por serem parte da minha vida.*

*A minha amiga, **Maria Salvino Veras**, pelo apoio e amizade no início da minha vida acadêmica.*

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ/USP, pela excelência acadêmica e os conhecimentos adquiridos.

Ao Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão pela orientação, confiança, ensinamentos compartilhados que foram fundamentais para o desenvolvimento desta pesquisa e pela amizade.

A minha esposa, companheira e amiga Ana Patricia Bastos Peixoto, por ser minha guia neste caminho e nunca se ausentar em amor e afeto, pelas noites em claro e todas as horas de estudos juntos, e por estar ao meu lado nos momentos mais duros e difíceis.

Aos amigos Patrícia Ferreira Paranaíba, Renato Nunes Pereira, Marcelino Alves Rosa de Pascoa, Elizabeth Mie Hashimoto e Ricardo Alves de Olinda pelos ótimos momentos vividos e apoio mútuo nos momentos mais difíceis.

Aos amigos do $G \sum^2 MA$ da Esalq/USP, em especial a Johanna Ramírez Díaz, Gregori Alberto Rovadoski, Fabiane de Lima Silva, Simone Pertile, Gerson Oliveira Junior, Juliana Petrini, João Vitor, Mary Ana, Aline Zampar, Ana Luisa, Gilson Rocha, e Mayara Salvian por me acolherem com tanto carinho, pelas noites de sextas que viravam sábados e os domingos compartilhados na Esalq/USP, por toda troca de conhecimento e amizade neste tempo que passamos juntos.

Aos amigos dos cursos de mestrado e doutorado do Departamento de Ciências Exatas e da pós-graduação da Esalq/USP, em especial a, Kuang Hongyu, Epaminondas de Vasconcellos Couto, Simone Sartório, Gilvano Ebling Brondani, Gláucia Tatiana Ferrari, Adriana Silva, Keliny Martins de Melo, Tiago Viana Flor de Santana, Vanderson Rabelo de Paula, pelo auxílio nos momentos de dúvidas, e pelas boas conversas que me ajudaram a enriquecer como pessoa.

Aos professores do programa de Pós-graduação em Estatística e Experimentação Agronômica, Dr. César Gonçalves de Lima, Dra. Clarice Garcia Borges Demétrio, Dr. Décio Barbin, Dr. Gabriel Adrián Sarriés, Dra. Roseli Aparecida Leandro, Dr. Sílvio Zocchi, Dra. Sônia Maria de Stefano Piedade, Dra. Taciana Villela Savian e Dr. Vitor Augusto Ozaki por todos os ensinamentos e amizade.

Aos professores do programa de Pós-graduação em Ciência Animal e

Pastagem, por todos os ensinamentos Aos professores do Departamento de Estatística da UEPB, pelo incentivo, confiança e amizade. A todos os alunos do curso de Pós-Graduação da ESALQ/USP, com os quais tive o prazer de conviver. Às secretárias Luciane Brajão e Solange Paes de Assis Sabadin, pelo apoio, amizade, ajuda e confiança, que me ajudou muito durante esses quatro anos de doutorado.

Aos funcionários do Departamento de Ciências Exatas da ESALQ/USP, Eduardo Bonilha, Jorge Alexandre Wiendl e Rosni Honofre Aparecido Pinto pela amizade, ajuda e apoio técnico.

A CAPES, pela concessão de bolsa de estudos.

A todos os educadores que passaram por minha vida e também àqueles que direta ou indiretamente contribuíram para conclusão deste trabalho, deixo aqui a minha imensa gratidão e carinho.

“A Deus por me permitir trilhar este caminho. ”

*“Mas, pela graça de Deus, sou o que sou; e
a sua graça, que me foi concedida, não se tornou vã;
antes trabalhei muito mais do que todos eles; todavia,
não eu, mas a graça de Deus comigo.*

(1 Coríntios, Capítulo XV – 10)

SUMÁRIO

RESUMO	13
ABSTRACT	15
LISTA DE FIGURAS	17
LISTA DE TABELAS	19
1 INTRODUÇÃO	21
Referências	23
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	25
2.1 Montana Tropical	25
2.2 Modelos mistos	30
2.2.1 Componentes de variância e covariância	31
2.2.2 Estimação dos efeitos fixos e predição dos efeitos aleatórios do modelo	34
2.2.3 Efeitos Fixos	38
2.2.4 Efeitos Aleatórios	39
2.2.5 Reparametrização	40
2.2.6 Método da máxima verossimilhança restrita	41
2.3 Modelo animal	46
2.3.1 Modelo animal com efeito materno	46
2.3.2 Modelo com ambiente permanente materno	48
2.3.3 Modelo animal multicaracterística	51
2.4 Algoritmos	52
2.4.1 DFREML	53
2.4.2 AIREML	55
2.5 Teste da Razão de Verossimilhanças	56
2.6 Critério de informação de AKAIKE	57
2.7 Abordagem Bayesiana	58
2.7.1 Abordagem Bayesiana no contexto de melhoramento animal	61
2.7.2 Distribuição <i>posteriori</i> condicional completa	67
2.7.3 Variância genética aditiva	68
2.7.4 Amostrador de Gibbs	71
2.7.5 Análise conjunta de uma característica categórica e uma característica normalmente distribuída	72

2.7.6 Distribuição <i>posteriori</i> condicional completa no contexto de melhoramento animal	76
2.7.7 Verificação da convergência	82
2.8 Modelos lineares generalizados mistos	83
2.8.1 Preditor linear η	86
2.8.2 Inversa da função de ligação	87
2.8.3 Função de variância	88
2.8.4 Estimação e predição em modelos não lineares	89
2.8.5 Teste de ajustamento de um modelo	95
2.9 Parâmetros genéticos	97
2.9.1 Herdabilidades	97
2.9.2 Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais	98
Referências	99
3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA AVALIAÇÃO DE BOVINOS COMPOSTOS MONTANA TROPICAL	111
Resumo	111
Abstract	111
3.1 Introdução	112
3.2 Material e Métodos	113
3.2.1 Preparação do banco de dados	114
3.2.2 Análises unicaracterísticas e bicaracterísticas	116
3.3 Resultados e Discussão	120
3.4 Conclusão	126
Referências	126
4 COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA DADOS CATEGÓRICOS	129
Resumo	129
Abstract	129
4.1 Introdução	130
4.2 Material e Métodos	131
4.2.1 Modelos	133
4.3 Resultados e Discussão	138

4.4 Conclusão	148
Referências	149

RESUMO

Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, reprodução e categóricas em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* × *Bos indicus*) sob abordagem bayesiana e modelos lineares generalizados mistos

Os objetivos deste trabalho foram avaliar diferentes modelos de seleção com base nos efeitos aleatórios maternos considerados para características de crescimento e perímetro escrotal, estimar parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos 12 meses (pesos ao nascer, a desmama e aos 12 meses de idade); perímetro escrotal aos 12 meses e correlações genéticas entre as características para bovinos compostos Montana Tropical, em análises uni, bicaracterísticas. Estimar parâmetros genéticos para as características categóricas de musculabilidade, precocidade e conformação aos 12 meses em modelos uni e bicaracterísticas utilizando diferentes metodologias para análise (modelos mistos, modelos thresholds bayesianos e modelos lineares generalizados mistos) e compará-los. Nas análises feitas para as características de crescimento e perímetro escrotal os efeitos maternos influenciaram os pesos do nascimento aos 12 meses de idade. As estimativas de herdabilidade direta obtidas das análises bicaracterísticas foram superiores àquelas obtidas das análises unicaracterísticas e as estimativas pela análise bicaracterística para as herdabilidades foram 0,27 para peso ao nascer; 0,18 para peso à desmama; 0,20 para peso aos 12 meses; e 0,19 para perímetro escrotal aos 12 meses. As correlações genéticas estimadas entre pesos obtidos em idades jovens com peso ao ano foram moderadas a baixas ($< 0,60$). A correlação genética obtida entre perímetro escrotal e características de crescimento foram 0,04, e $< 0,01$ com peso a desmama indicando baixa associação entre as características e de 0,38 com peso aos 12 meses o que pode ao longo do tempo gerar animais mais pesados aos 12 meses. A seleção com base em características de crescimento em qualquer idade pode promover ganhos genéticos moderados no peso corporal de animais do composto Montana Tropical. É importante considerar nas análises os pesos prévios à seleção para estimar parâmetros genéticos para pesos após a seleção. Para as características morfológicas as estimativas de herdabilidade foram de baixas a moderadas e houve diferença entre o modelo linear e o de limiar e o modelo linear generalizado misto, na obtenção de estimativas de herdabilidades e correlações genéticas, de características categóricas morfológicas multinomiais. As estimativas dos parâmetros genéticos obtidas por modelo de limiar foram superiores aos demais métodos avaliados, com valores de 0,42; 0,37 e 0,25 para musculabilidade, precocidade e conformação aos 12 meses, e as correlações genéticas estimadas em conjunto com peso a desmama para musculabilidade, precocidade e conformação aos 12 meses foram 0,89; 0,22 e 0,83 respectivamente. Os escores visuais de conformação, precocidade e musculatura aos 12 meses podem responder rapidamente à seleção individual.

Palavras-chave: Perímetro Escrotal; Conformação; Musculatura; Métodos de Estimação

ABSTRACT

Estimation of genetic parameters for traits of growth, reproduction and categorical in a population of composite beef cattle (*Bos taurus* × *Bos indicus*) in Bayesian approach and generalized linear mixed models

The objectives this study were to evaluate different models of selection based on maternal random effects considered for growth traits and scrotal circumference; to estimate genetic parameters for weights from birth to 12 months (birth weight, weaning and 12 months old), scrotal circumference at 12 months and to estimate genetic correlations between traits for cattle composite Montana Tropical, by univariate and two-trait analysis. To estimate genetic parameters for categorical traits of muscling, precocity and conformation at 12 months in uni-and two-trait models using different methodologies for analysis (mixed models, Bayesian models thresholds and generalized linear mixed models) and compare them. In the analysis made for growth traits and scrotal circumference, maternal effects influenced the weights from birth to 12 months of age. Direct heritability estimates obtained from two-trait analyzes were higher than those obtained using univariate models, and the estimates of heritability for the two traits analysis were 0.27 for birth weight, 0.18 for weaning weight, 0.20 for weight at 12 months, and 0.19 for scrotal circumference at 12 months. The genetic correlation obtained between weights at young ages and yearling weight were moderate to low (< 0.60). Genetic correlation obtained between scrotal circumference and growth traits were 0.04, and < 0.01 with weaning weight indicating a low correlation between the traits and 0.38 from weight at 12 months which may over time provide heavier animals at 12 months. Selection based on growth traits at any age can provide moderate genetic gains in body weight of animals of the composite Montana Tropical. It is important to consider in the analysis to selecting the prior weights to estimate genetic parameters for weights after selection. For the morphological traits, heritability estimates were low to moderate and there was a difference between the threshold and linear model and generalized linear mixed model, for estimates of heritability and genetic correlations of morphological multinomial categorical traits. Estimates of genetic parameters by the threshold model were higher than the other methods evaluated, with values of 0.42, 0.37 and 0.25 for muscling, precocity, and conformation at 12 months, and the genetic correlations estimated in with weaning weight for muscling, precocity and conformation at 12 months were 0.89, 0.22 and 0.83 respectively. The visual scores of conformation, precocity and muscling at 12 months can respond quickly to individual selection.

Keywords: Scrotal Circumference; Conformation; Muscling; Estimation of Methods

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação de um modelo linear generalizado misto	86
Figura 2 - Inversa da função de ligação $\mu = \epsilon^\eta / (1 + \epsilon^\eta)$	90
Figura 3 - Componentes de variância estimados (genéticos aditivos, maternos, de ambiente permanente materno e residual) para peso ao nascer, a desmama e aos 12 meses por análises uni e bicaracterística	122
Figura 4 - Componentes de variância estimados (genéticos aditivos, maternos, de ambiente permanente materno e residual) para perímetro escrotal aos 12 meses por análises uni e bicaracterística	123
Figura 5 - Distribuição a <i>posteriori</i> para a variância genética aditiva e ambiental de musculosidade aos 12 meses	141
Figura 6 - Distribuição a <i>posteriori</i> para a variância genética aditiva e ambiental de precocidade aos 12 meses	141
Figura 7 - Distribuição a <i>posteriori</i> para a variância genética aditiva e ambiental de conformação aos 12 meses	142
Figura 8 - Densidade a <i>posteriori</i> para a estimativa dos componentes de variância genético aditivo e residual de musculosidade aos 12 meses e peso a desmama	145
Figura 9 - Densidade a <i>posteriori</i> para a estimativa dos componentes de variância genético aditivo e residual de precocidade aos 12 meses e peso a desmama	147
Figura 10 - Densidade a <i>posteriori</i> para a estimativa dos componentes de variância genético aditivo e residual de conformação aos 12 meses e peso a desmama	147

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Esquematisação dos tipos de dados	76
Tabela 2 - Funções de ligação comum e funções de variância para várias distribuições da família exponencial	88
Tabela 3 - Critérios para classificação dos animais em grupos genéticos de acordo com a composição racial do sistema NABC	115
Tabela 4 - Estatísticas descritivas para as características peso ao nascimento - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm), os grupos genéticos biológicos no composto Montana Tropical	116
Tabela 5 - Distribuição por faixa de idade (frequência absoluta - f_a e frequência percentual $f_p(\%)$) para cada classe de idade da mãe ao parto (CIMP) . .	116
Tabela 6 - Estimativas de componentes de covariância e parâmetros genéticos obtidas a partir dos modelos em estudo, para as características peso ao nascimento - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm), em bovinos compostos <i>Bos taurus</i> $\times$ <i>Bos indicus</i>	121
Tabela 7 - Critério de informação de Akaike - AIC para as características de peso ao nascer - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal PE12 (cm) nos diferentes modelos avaliados	121
Tabela 8 - Estimativas dos componentes de covariância e parâmetros genéticos obtidas pela análise bicaracterística a partir do modelo selecionado na análise univariada, para as características peso ao nascer - PN (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm), em bovinos compostos <i>Bos taurus</i> $\times$ <i>Bos indicus</i>	124
Tabela 9 - Correlações genéticas obtidas pela análise bicaracterística para as características de peso ao nascer - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm)	125
Tabela 10 - Correlações ambientais obtidas pela análise bicaracterística para as características de peso ao nascer - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm)	126

Tabela 11 -Distribuição (%) por escore das características musculosidade (M), precocidade (P) e conformação (C), em bovinos Montana Tropical	132
Tabela 12 -Estatística descritiva das características musculosidade (M),precocidade (P) conformação (C), peso a desmama (PD) e dos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos para cada grupo biológico do sistema NABC . .	133
Tabela 13 -Valores de autocorrelação para cada parâmetro pela análise unicaracterística em modelo de limiar para as variáveis musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em bovinos Montana Tropical	139
Tabela 14 -Diagnóstico de convergência de Geweke pela análise em um modelo de limiar unicaracterística para a variável musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em bovinos Montana Tropical	140
Tabela 15 -Intervalo de credibilidade e intervalo de máxima densidade a <i>posteriori</i> (HPD) das estimativas dos componentes de variância e limiares (<i>thresholds</i>) obtidas pela análise unicaracterística para as variáveis musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em bovinos compostos Montana Tropical	143
Tabela 16 -Componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos MM, ML e MLGM, para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em análises unicaracterística para bovinos Montana Tropical	144
Tabela 17 -Intervalo de credibilidade e intervalo de maxima densidade a <i>posteriori</i> das estimativas dos componentes de variância e limiares (<i>thresholds</i>) obtidas pela análise bicaracterística para a variável musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses para bovinos Montana Tropical . .	146
Tabela 18 -Parâmetros genéticos em modelos bivariados para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses para as diferentes metodologias empregadas em bovinos Montana Tropical	148

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético é uma ferramenta que visa ao aumento e à melhoria da produtividade de um animal ou planta, em determinado ambiente (FERRAZ; ELER, 2010). Com os avanços na genética molecular e dos métodos estatísticos juntamente com os recursos computacionais, as técnicas utilizadas em melhoramento animal têm crescido consideravelmente, possibilitando a exploração das diferenças genéticas existentes entre raças e linhagens (LÔBO et al., 2010). Os primeiros trabalhos sobre melhoramento genético encontrados na literatura são de meados do século 18, especificamente na Inglaterra e foram atribuídos a Robert Bakewell. Posteriormente os irmãos Colling, utilizaram o conhecimento adquirido por Bakewell para a formação da raça Shorthorn, deixando um livro genealógico documentado em 1822 (LUCHIARI; MOURÃO, 2006). No Brasil, melhoramento genético tornou-se conhecido no início do século 20 com a raça Caracu e Mocho Nacional.

Seleção e sistema de acasalamento são duas formas clássicas do melhoramento animal. Com elas é possível promover mudanças na constituição genética de uma população. O aumento da frequência dos alelos dos genes desejáveis na população por seleção ou redistribuição dos alelos em combinações genotípicas mais produtivas utilizando reprodução, faz parte do objetivo do melhoramento genético em obter uma população com um genótipo superior para uma combinação de características de importância econômica. A seleção é a estratégia mais aplicada de melhoramento, pois ela altera as frequências alélicas nos locos que controlam a característica que se encontram sobre seleção, propiciando a alteração na média genotípica da população na direção desejada pelo melhorista, objetivando o ganho genético sobre uma determinada característica ou um conjunto de características.

O critério de seleção é o conjunto de informações a respeito de uma ou mais características em que a seleção se fundamenta, objetivando avaliar e ordenar os candidatos a seleção para alguma característica que se deseja melhorar. Para definir o objetivo de seleção é necessário avaliar o produto de interesse se valendo de informações econômicas deste. A definição dos critérios de seleção depende de informações a respeito dos parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) e fenotípicos (correlações fenotípicas) associados às características envolvidas no melhoramento.

O processo de avaliação genética dos animais envolve basicamente três eta-

pas: estimação, classificação e predição. Na estimação dos parâmetros genéticos, exige-se o agrupamento dos indivíduos de acordo com o grau de parentesco entre si para obtenção dos componentes de variância fenotípica, genética e ambiental. Na classificação dos animais, tem-se como base seus valores genéticos e a decisão sobre a rejeição ou manutenção do animal para reprodução. Para a predição dos valores genéticos, é necessário o conhecimento das magnitudes das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas da característica avaliada ou de sua herdabilidade (CARNEIRO Jr. et al., 2004). Essas variâncias, geralmente, são desconhecidas tornando necessário primeiro, estimar componentes de variância e depois prever os valores genéticos de interesse num mesmo conjunto de dados (KENNEDY, 1981).

As estimativas de componentes de variância são essenciais na predição de parâmetros, de valores genéticos e na adequação aos métodos de seleção, pois podem restringir o conhecimento preciso das frações genéticas e não genéticas. A metodologia mais utilizada na atualidade para se estimar componentes de variância, utiliza o melhor preditor linear não viciado (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP) sob abordagens em modelos mistos, baseadas nas metodologias descritas por Henderson (1953). A máxima verossimilhança restrita - REML (PATTERSON e THOMPSON, 1971) tem sido amplamente utilizada sob o enfoque do modelo animal, pois em relação ao método de máxima verossimilhança são não viesados. Este método elimina o vício atribuído à mudança nas frequências alélicas pela seleção, por meio do uso da matriz de parentesco completa (A), fato este, que torna o REML o método padrão para a estimação de componentes de variância em programas de melhoramento genético.

Como alternativas para solucionar os problemas gerados no processo de estimação de componentes de variância para as características que não possuem distribuição normal, algumas metodologias tem sido sugeridas, sendo uma delas a de Modelos Lineares Generalizados, teoria proposta por Nelder e Wedderburn (1972), e outra baseada em inferência Bayesiana por meio de modelos *thresholds* (SORENSEN e GIANOLA, 2002).

Animais compostos são formados pelo cruzamento de duas ou mais raças com o objetivo de explorar a heterose e a complementariedade sobre elas, mantendo níveis elevados de heterose nas gerações sucessivas de acasalamentos da população. Bourdon (1999) relata que os critérios fundamentais para se avaliar o potencial de um composto são: a) mérito genético das raças formadoras; b) nível de heterose produzida (retida); c)

simplicidade no manejo e nos custos; d) origem das fêmeas de reposição; e) complementariedade entre as raças; f) uniformidade de desempenho; g) acurácia na predição dos valores genéticos.

Vários estudos foram desenvolvidos recentemente envolvendo a avaliação genética de características categóricas em bovinos de corte (ELER et al., 1996; KOURY FILHO et al., 2003; VAN MELIS et al., 2003; FORNI et al., 2007; VARONA et al., 2009; BARRICHELLO et al., 2010; KOURY FILHO et al., 2010). Entretanto, são raros os trabalhos que analisem estas características em populações compostas.

Desta forma a tese contém uma revisão geral dos métodos que serão empregados nos 2 capítulos subsequentes, que são apresentados no tópico Revisão Bibliográfica. No Capítulo 1 análises unicaracterísticas e bicaracterísticas foram feitas utilizando inferência clássica e modelos mistos de Henderson, para características de crescimento e reprodução, com o objetivo de estimar correlações genéticas e componentes de variância. No Capítulo 2 são feitas análises bayesianas via modelos *thresholds* para características categóricas com o objetivo de estimar componentes de variância por meio desta metodologia e comparar com os resultados encontrados com a inferência clássica via modelos mistos e com as análises de modelos lineares generalizados mistos para características categóricas.

Referências

- BARRICHELLO, F., ALENCAR, M. M. de; TORRES, JR. R. A. A.; SILVA, L. O. C. da. Herdabilidade e correlações quanto a peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.6, p.563-570, 2010.
- BOURDON, R. Composites 101. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.122-127, 1999.
- CARNEIRO JR, J. M.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P. S. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.2, p.328-336, 2004.
- ELER, J.P. ; FERRAZ, J. B. S.; SILVA, P. R. Parâmetros Genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 48, n. 2, p. 203-213, 1996.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Parceria público × privada no desenvolvimento de pesquisa em melhoramento genético animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.39, p.216-222, 2010.

FORNI, S.; FEDERICI, J. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.36, n.3, p.572-577, 2007.

HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Washington, v.9, p.226-251, 1953.

KENNEDY, B.W. Bias and mean square error from ignoring genetic groups in mixed model sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 64, p. 689-697, 1981.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; FORNI,S.; SILVA, J.A.V; YOKOO, M.J; ALENCAR, M.M. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, n.5, p.1015-1022, 2010.

KOURY FILHO, W.; JUBILEU, J.S; ELER, V.; FERRAZ,J.B.S.; PEREIRA, E; CARDOSO, E.P. Parâmetros genéticos para escores de umbigo e características de produção em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.55, n.5, p.594-598, 2003.

LÔBO, R.B.; BITTNECOURT, T.C.B.S.C.; PINTO, L.F.B. Progresso científico em melhoramento animal no Brasil na primeira década do século XXI. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, p.223-235, 2010.

LUCHIARI FILHO, A.; MOURÃO, G.B. **Melhoramento, Raças e seus Cruzamentos na Pecuária Brasileira**. Pirassununga: LinBife, 2006. 142 p.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 52, n. 3, p. 187-199, 1997.

NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear models. **Journal of the Royal Statistical Society**, Malden, Series A, v.135, p.370-384, 1972.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, Cambridge, v.58, p.545-554, 1971.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

SORENSEN D.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian and MCMC Methods in Quantitative Genetics**. Statistics for Biology and Health. New York: Springer-Verlag, 2002. 739 pp.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; SILVA, J. A. V. Estimacão de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.6, p.1624-1632, 2003.

VARONA, L.; MORENO, C.; ALTARRIBA, J. A model with heterogeneous thresholds for subjective traits: Fat cover and conformation score in the Pirenaica beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.87, p. 1210-1217, 2009.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Nesta seção é feita uma revisão sobre os assuntos abordados nos capítulos subsequentes, formando o embasamento teórico necessário para o entendimento do trabalho relacionado aos objetivos da pesquisa.

2.1 Montana Tropical

O início do século XXI consolidou o Brasil como potência na produção e exportação de carne bovina, assumindo a primeira colocação dentre os exportadores em 2004 (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES - ABIEC, 2011). Apesar deste panorama positivo da pecuária brasileira, a mesma ainda apresenta baixa eficiência, principalmente devido à exportação de produtos a países com menor poder aquisitivo, e à baixa produtividade e precocidade do rebanho. O desenvolvimento de programas de melhoramento genético, por meio da adequada identificação dos melhores indivíduos a serem utilizados na reprodução, se apresenta como uma importante ferramenta no aperfeiçoamento dos índices produtivos promovendo o ganho genético por meio de um consequente aumento da frequência de genes favoráveis na população.

Segundo Ferraz e Eler (2000) alguns dos fatores que limitam o ganho genético na pecuária de corte no Brasil são: a falta de adaptação dos touros de origem européia ao regime de pasto, a vida reprodutiva muito curta, os custos fixos vindos do investimento inicial na aquisição do touro por bezerro produzido e a exigência de aplicação de biotécnicas como a inseminação artificial, que nem sempre são de alcance dos pecuaristas de baixo nível tecnológico. Nesse sentido, segundo os mesmos autores a formação de compostos torna-se viável a medida que tenta-se obter vigor híbrido de maneira economicamente viável e com utilização prática e racional utilizando-se ainda o manejo tradicional da fazenda. Espera-se que um bom programa de compostos produzam touros compostos que se reproduzam a campo de forma natural sem necessidade de biotecnologias, viabilizando os benefícios da heterose ao pequeno e médio pecuarista. A busca por animais economicamente mais viáveis é desejável, e em geral os estudos indicam grandes vantagens em desempenho de animais oriundos de cruzamentos sobre animais de raças puras. Atualmente, grandes esforços têm sido aplicados em estudos de efeitos de cruzamentos sobre características de carcaça e/ou características que incluam ponderações econômicas, inclusive no Brasil.

A formação de raças compostas, teve início com as observações de vários grupos de pesquisa, mas particularmente das pesquisas desenvolvidas no USMARC, localizado em Clay Center, Nebraska, Estados Unidos - EUA (KOCH et al., 1989; CUNDIFF et al., 1993, 1997, 1998), e tem sido uma alternativa para os cruzamentos rotacionados que apresentam problemas sérios de adaptação dos touros de raças européias ao clima tropical em regime de pasto, problemas para administrar os tipos biológicos e genéticos e os acasalamentos a que devem ser submetidos os diversos grupos de vacas existentes na propriedade, além do problema da flutuação do percentual de genes de origem taurina ou zebuína na população.

Na busca por animais geneticamente superiores, a utilização de compostos é uma alternativa viável, pois utiliza-se da heterose e a complementariedade entre as raças, propiciando ao criador de compostos o acesso a estes animais por meio de acasalamentos com grupamentos genéticos semelhantes. O composto denominado de Montana Tropical é uma alternativa viável e tem sido desenvolvido no Brasil desde 1994 (LUCHIARI FILHO e MOURÃO, 2006). Bourdon (1999) expôs as bases da utilização de compostos em bovinocultura de corte, discutindo o conceito de composto, sua validade, sua comparação com outros sistemas de cruzamento tradicionais, os cálculos de percentagens de cruzamento (*outcrossing percentages*), retenção de heterose, acasalamentos em populações compostas em formação, formação e seleção de populações compostas, populações compostas formadas e problemas na comercialização de material genético composto.

O composto Montana Tropical, opta por um sistema aberto, que permite a entrada de novas raças e touros em qualquer momento, desde que identificados como geneticamente superiores, visando explorar assim os efeitos da heterose, da complementariedade entre raças e da genética aditiva com uso de touros em reprodução a campo. Esse tipo de sistema permite manter 75 à 90% de heterose verificada em animais F1. Nesse tipo de projeto o conceito de raça perde importância adotando-se o conceito de tipo biológico, por meio do agrupamento de diferentes raças, devido as semelhanças de tipo, função, fisiologia, aspectos de crescimento e reprodução. Segundo Mourão et al. (2007) o agrupamento das raças nos tipos biológicos N, A, B e C, é uma abordagem plausível pois é uma extrapolação dos resultados do USMARC, onde foram definidas as bases da formação de compostos e das quantidades de heterose que serão retidas. Esta classificação em tipos biológicos é aplicada no desenvolvimento do composto Montana

Tropical da seguinte forma (FERRAZ, ELER e GOLDEN, 1999b):

GRUPO N: animais da raça *Bos indicus*, os zebuínos, incluindo-se as raças adaptadas no Brasil como o Gir, Guzará, Indubrasil, Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran. Apresentam alta rusticidade, resistência a parasitas e rendimento de carcaça e são representadas principalmente por vacas da raça Nelore;

GRUPO A: bovinos de origem não zebuína adaptados aos trópicos, por meio de seleção natural ou artificial. As raças Afrikander, Belmont Red, Bonsmara, Caracu, Romo-Sinuamo, Senepol e outras, estão inclusas neste grupo. Animais destas raças têm alto grau de adaptabilidade ao clima tropical e fertilidade, além de algumas características relacionadas à qualidade de carne.

GRUPO B: taurinos de origem britânica, como as raças Aberdeen Angus, Devon, Hereford, Red Angus, Red Poll, South Devon, etc. Estas raças contribuem com a precocidade sexual e o acabamento, além das características de conformação frigorífica, qualidade de carcaça, carne e crescimento.

GRUPO C: taurinos da Europa ocidental, incluindo as raças Charolesa, Gelbvieh, Limousin, Pardo-Suiço, Simental, etc. Estas raças têm alto potencial de crescimento, de rendimento e de qualidade da carcaça

Koch et al. (1989), verificaram existir significativa variabilidade entre e dentro de raças para a maioria das características importantes em bovinocultura de corte. Verificaram ainda que cruzamentos entre *Bos taurus* e *Bos indicus*, podem resultar em aumentos de produção de até 50% em ambientes subtropicais e que significativos níveis de heterose podem ser mantidos em sistemas de cruzamento rotacional (que é o cruzamento feito entre 2 ou mais raças, alternando-se as mesmas entre as gerações e em populações compostas). Estas populações são uma eficiente alternativa para programas de cruzamento mais complexos e proporcionam uma base para se atingir e manter níveis ótimos de composição genética aditiva.

Populações compostas oferecerem um sistema alternativo de acasalamento que é geralmente competitivo com os cruzamentos para exploração de heterose, com manejo mais simples, independentemente do tamanho do rebanho (GREGORY e CUNDIFF, 1999). A heterose retida em gerações posteriores é igual, ou superior, à retenção de heterose esperada, garantida ao longo do tempo.

Atualmente, no Brasil não existe um programa único para ser utilizado na

pecuária brasileira que reúna todas as vantagens associadas ao uso de touros compostos. Algumas características desejáveis são: animais geneticamente superiores avaliados por meio de programas de avaliação genética; que tenham valores expressivos de heterose na descendência; que sejam adaptados ao meio-ambiente tropical e subtropical, realizando cobertura a campo sem necessidade de inseminação artificial; dentre outras características, maiores detalhes ver Ferraz e Eler (2000).

A combinação de animais *Bos taurus* com *Bos indicus* comprovadamente traz vantagens produtivas extremamente importantes para a pecuária tropical, podendo, se bem conduzido, levar a compostos que atendam a maioria das necessidades de pecuária brasileira. Segundo Mourão et al. (2008) existem resultados favoráveis na literatura, que indicam o efeito das heteroses sobre as diversas espécies domésticas e de forma geral, os estudos indicam grandes vantagens em desempenho de animais oriundos de cruzamentos sobre animais de raças puras. Para peso ao desmame em gado de corte, o estudo de Arthur et al. (1994) reportam efeitos de 19,7 a 24,9 kg para heteroses diretas e 14,9 a 37,8 kg ($p < 0,05$) para heterose materna entre as raças Hereford e Brahman. Arthur et al. (1999) observaram valores de 28,0 e 53,5 kg ($p < 0,01$) para heteroses diretas e 22,5 kg ($p < 0,05$) e 72,6 kg ($p < 0,01$) para heteroses maternas entre Hereford e Brahman, respectivamente, em clima temperado e subtropical, em um modelo que inclui epistasia direta e materna, sendo significativa apenas no clima subtropical.

No Brasil, Perotto et al. (1999), estudou o peso de machos cruzados das raças Red Angus e Nelore, obtendo valores significativos ($p < 0,05$) para heteroses individual e materna. Burrow et al. (2001) encontraram heteroses médias e maternas para tourinhos menores que as heteroses médias e heteroses maternas entre os touros jovens $\times$ zebuínos jovens ($T \times Z$). O estudo referido não menciona resultados para bovinos compostos (*Bos taurus* $\times$ *Bos indicus*). Características de peso ao desmame aos 205 dias (PD), ao sobreano 390 dias (PS) e ganho de peso a desmama ao sobreano 390 dias (GP), foram estudadas em compostos Montana Tropical, objetivando determinar a contribuição dos efeitos genéticos não aditivos sobre o gado de corte (MOURÃO et al., 2008). Nesse estudo, diferentes modelos foram propostos, sendo que o melhor desempenho obtido foi por meio do Modelo RM - chamado de modelo completo, que inclui efeitos fixos de grupo de contemporâneos, classe de idade da mãe ao parto, covariáveis associadas aos efeitos aditivos genéticos direto e materno, e também covariáveis associadas com os efeitos genéticos

não-aditivos de cruzamento, para os efeitos diretos, bem como para o efeito materno total.

As avaliações genéticas são importantes ferramentas para aumentar a eficiência econômica dos rebanhos, pois permitem a identificação e seleção dos indivíduos geneticamente superiores, aumentando de maneira cumulativa a frequência de genes desejáveis nos rebanhos e, conseqüentemente, a de fenótipos economicamente mais interessantes. A implementação de programas de avaliação genética depende da escolha de critérios de seleção, e um ponto essencial na definição da viabilidade de uma característica como critério de seleção é o conhecimento de sua variabilidade genética, assim como de suas associações genéticas com outras características. As relações lineares entre cruzamento e heterose são importantes e devem ser consideradas em avaliações genéticas, uma vez que os resultados suportam a evidência relacionada com a contribuição da heterose genética para sistemas de produção animal. É importante conhecer o potencial aditivo de cada uma das raças envolvidas na formação de animais compostos, para as características de interesse econômico em diversos ambientes.

Para a predição dos valores genéticos dos animais, é necessário a estimação precisa de parâmetros genéticos, tais como, herdabilidade e correlações genéticas para as características consideradas na seleção. Como o fenótipo do indivíduo é constituído pela parte genética, pela parte ambiental e muitas vezes pela interação entre ambas, o maior desafio está na separação destes componentes. Assim, a precisão das avaliações do valor genético depende da quantidade e da qualidade de informações do banco de dados, da redução ou remoção das influências não genéticas nas informações analisadas, da incorporação de dados de parentes, do uso de modelos mistos apropriados e do método numérico adequado para a estimação dos componentes de covariância e predição do valor genético do animal. Para remoção das influências não genéticas sobre as características utilizadas na seleção dos animais e a correta estimação do efeito aditivo, as análises estatísticas devem ser feitas utilizando modelos apropriados, que são, geralmente, lineares, univariados ou multivariados, com efeitos fixos, aleatórios ou fixos e aleatórios, o que os caracterizam como modelos mistos.

As metodologias genético-estatísticas no estudo de populações cruzadas e estimação de componentes de variância e de valores genéticos aditivos, são inúmeras e surgiram após os trabalhos pioneiros de Henderson. No Brasil, estimativas de parâmetros genéticos e avaliações genéticas são utilizadas desde meados do século passado. Com o

avanço das metodologias empregadas, o número crescente de pesquisas tem propiciado uma consequente melhoria da acurácia de estimativas de parâmetros genéticos e consequente aceleração do progresso genético.

A escolha de modelos multicaracterísticos no melhoramento animal tem o objetivo de alcançar maior eficiência na resposta à seleção, por utilizar de modo mais completo as informações disponíveis, considerar a existência de valores ausentes, ocasionados pela seleção sequencial, empregar as correlações existentes entre características estudadas e corrigir o viés na variância genética (POLLAK et al. 1984). Para bovinos de corte, Meyer (1995) e Kaps et al. (1999) afirmaram que uma forma de considerar os efeitos da seleção sobre a variância genética é utilizar um modelo multicaracterístico que inclua os pesos prévios à seleção e, desta forma, corrigir o viés na variância genética

2.2 Modelos mistos

Um modelo com efeitos fixos e aleatórios na estrutura explanatória é chamado modelo misto. Assume-se que efeitos fixos são constantes quando se realizam sucessivas repetições (SEARLE, 1971; HENDERSON, 1984; GIANOLA, 2003). Um fator é classificado como aleatório quando seus níveis pertencem a alguma distribuição de probabilidade (VAN VLECK, 2000). Uma suposição típica é a de que os efeitos aleatórios pertençam a uma distribuição normal univariada ou multivariada, com apropriado vetor de médias e matriz de covariância. Um modelo com efeitos aleatórios permite particionar a variância total dentro de causas de variação (PINHEIRO e BATES, 2000). Se o modelo é linear nos efeitos aleatórios, a variância total é expressa como uma soma de dois ou mais componentes.

Um modelo linear misto univariado consiste de uma especificação para descrever n dados observados $y = (y_1, y_2, \dots, y_n)$, como uma combinação linear dos efeitos fixos e aleatórios. As variáveis explanatórias podem ser contínuas ou variáveis *dummies*, esta última indicadora de classe. O modelo compreende situações para dados longitudinais (medidas repetidas), e os efeitos destas variáveis explicativas (regressoras) podem ser adotados quer como fixos ou aleatórios, dependendo das suposições feitas (RESENDE e BIELE, 2002). O modelo linear misto foi introduzido na genética por Henderson (1948, 1975, 1984) e Henderson et al. (1959). Ele é utilizado para estimar componentes de variância e covariância, para inferir sobre combinações lineares dos parâmetros de efeito

fixos, e para prever efeitos genéticos. Os modelos mistos mais usados em melhoramento animal são, modelo “touro” e o modelo “animal” (MRODE, 2005). O modelo “touro” tem menos efeitos aleatórios que o modelo “animal”, em que o número de níveis tipicamente excede o número de observações. No entanto, é possível um esclarecimento maior por meio do modelo animal quando considera o parentesco genético entre indivíduos, assumindo um modelo de herança aditiva (QUAAS e POLLAK, 1980).

2.2.1 Componentes de variância e covariância

Pode-se entender que o valor genético é uma distribuição das observações das gerações futuras de uma população. Geralmente os componentes de variância e covariância são desconhecidos, sendo necessários estimá-los primeiro para posteriormente prever os parâmetros genéticos e fenotípicos de interesse. É primordial que esses componentes tenham estimativas fidedignas, de alta precisão e acurácia, para isto os estimadores devem apresentar as seguintes propriedades: serem não viesados (esperança matemática do estimador é o próprio parâmetro); consistentes (com o aumento do tamanho da amostra, a esperança do estimador converge para o parâmetro e a variância do estimador converge para zero); eficientes (dentro a classe de estimadores não viesados apresente variância mínima); suficientes (o estimador condense ao máximo a informação contida na amostra não sendo função do parâmetro); tenham completitude (unicidade do estimador); e sejam invariantes a translação, mudanças nos efeitos fixos não alterem a estimação dos componentes de variância (BOLFARINE e SANDOVAL, 2001).

Os componentes de variância podem ser estimados através de diferentes métodos: Modelos propostos por Henderson (HENDERSON, 1953), Método de Estimação Quadrática Não Viesada de Norma Mínima - MIINQUE (RAO, 1970 e 1971a), Método de Estimação Quadrática Não Viesada de Variância Mínima - MIVQUE (RAO, 1971b), Método da Máxima Verossimilhança - ML (HARTLEY e RAO, 1967) e Método da Máxima Verossimilhança Restrita - REML (PATTERSON e THOMPSON, 1971).

Henderson nomeou os seus métodos da seguinte maneira: Método I, II e III, sendo que o Método I consiste na obtenção do valor esperado de cada forma quadrática, correspondente à soma de quadrados para dados balanceados. Iguala-se, então, cada forma quadrática à respectiva esperança matemática, obtendo-se um sistema de equações, cuja resolução fornece as estimativas dos componentes de variância (MARCELINO e IEMMA,

2000).

O Método II de Henderson consiste em aplicar o Método I ao modelo ajustado para os efeitos fixos. O Método II pode ser utilizado para modelos mistos, desde que tais modelos não possuam interação entre efeitos fixos e aleatórios, ou efeitos aleatórios aninhados dentro de efeitos fixos (SEARLE, 1987). O Método III, também chamado método de ajuste de constantes, utiliza as reduções nas somas de quadrados do modelo completo e de submodelos para estimar os componentes de variância, ao invés das somas de quadrados utilizadas pelos métodos I e II. O método III consiste em obter os estimadores dos componentes de variância, construindo um sistema de equações a partir das diferenças entre as reduções nas somas de quadrado do modelo completo e de sub-modelos de interesse, igualando cada diferença a respectiva esperança matemática (MARCELINO e IEMMA, 2000).

Os métodos I, II e III de Henderson (1953) permitem que se trabalhe com um certo grau de desbalanceamento dos dados e se reduzem à usual análise de variância em caso de dados balanceados (RESENDE, 2002). Esses métodos geralmente levam a obtenção de estimativas tendenciosas em dados obtidos de programas de melhoramento, pois se baseiam na suposição da amostragem aleatória, que dificilmente ocorre.

O método da máxima verossimilhança consiste em maximizar a função de verossimilhança (função densidade de probabilidade conjunta), em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância (por meio da derivação dessa função em relação ao parâmetro de interesse). As estimativas assim obtidas são sempre não negativas, mas viesadas, devido ao fato do método não considerar a perda dos graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo (SEARLE et al., 1992). Na presença de muitos efeitos fixos, seus estimadores serão viciados, podendo subestimar variâncias residuais, apesar de fornecerem estimativas não negativas dos componentes de variância (SHAW, 1987). Os estimadores de máxima verossimilhança possuem propriedades ótimas sendo elas: consistência, normalidade assintótica e eficiência (HARVILLE, 1977).

Patterson e Thompson (1971), apresentaram uma correção para o método ML, eliminando o seu vies. No Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), a função de verossimilhança é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos (I) e outra referente aos efeitos aleatórios (II). Os componentes de variância referentes aos efeitos aleatórios, são estimados pela maximização de (II) e os efeitos fixos

através da maximização de (I). Deste modo apenas a porção da verossimilhança que é independente dos efeitos fixos é maximizada no Método da Máxima Verossimilhança Restrita. Os dados são substituídos por funções lineares destes, com esperança matemática nula. Segundo Meyer (1989) os dados podem ser vistos como observações ajustadas para estimativas de mínimos quadrados generalizados do efeitos fixos.

O REML, é iterativo e por considerar a perda dos graus de liberdade devida aos efeitos fixos, fornece estimadores não viesados e de variância mínima para dados balanceados. Para dados desbalanceados, Lopes et al. (1993), Searle (1971), Harville (1977), Searle et al. (1992), Smith et al. (1991) e Perri e Iemma (1999), afirmaram que devido o REML manter todas as propriedades do ML (ser não viesado e a possibilidade de impor que as estimativas sejam não negativas) ele é ideal para estimar componentes de variância nesta situação. No melhoramento genético animal geralmente se utiliza dados oriundos de diversos rebanhos de tamanhos diferentes, em vários anos e em fazendas, granjas ou centros de pesquisas diferentes, contribuindo para o desbalanceamento dos dados (CARNEIRO Jr. et al., 2004), fato que explica o porquê destes métodos serem mais indicados em programas de melhoramento.

O que faz com que o REML venha sendo amplamente utilizado para a estimação de componentes de variância em programas de melhoramento genético é em grande parte ao advento do chamado Modelo Animal, pela inclusão de informações de parentesco entre indivíduos e as estimativas obtidas através deste modelo serem mais acuradas e consideravelmente menos viesadas pela seleção que seus correspondentes de ANOVA (MEYER e THOMPSON, 1984). Gianola et al. (1989), afirmaram que existem evidências que inferências pontuais feitas a partir de funções de verossimilhança não são afetadas por algumas formas de seleção, isto, fez com que o REML se tornasse padrão para estimação de componentes de variância em programas de melhoramento genético.

O REML elimina o vício atribuído à mudança nas frequências alélicas pela seleção, por meio do uso da matriz de parentesco completa (**A**), tornando possível a obtenção de componentes de variância para uma população-base não selecionada e a predição de valores genéticos de indivíduos de qualquer geração é realizada com precisão (VAYEGO, DIONELLO e FIGUEIREDO, 2008). O uso da matriz **A** completa leva em consideração as alterações na variância genética causadas pela endogamia e pelo desequilíbrio de ligação, resultantes da seleção (KENNEDY e SORENSSEN, 1988) e a tendência genética ou ganho

genético realizado (RESENDE e ROSA-PEREZ, 2001). Todas as informações, que tenham relação com a característica sob análise e, que tenham contribuído para a seleção devem ser incluídas na análise.

Harville (1977) afirma que os estimadores de REML e ML podem ser robustos aos desvios da normalidade, gerando estimativas razoáveis mesmo quando a forma da distribuição não é especificada.

2.2.2 Estimação dos efeitos fixos e predição dos efeitos aleatórios do modelo

A representação padrão no melhoramento animal para um modelo linear misto em estudos de estimação de componentes de variância é,

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}, \quad (1)$$

em que $\mathbf{y}$ é um vetor de dados observados, $N \times 1$, $\boldsymbol{\beta}$ é um vetor de parâmetros de efeitos fixos, $p \times 1$, $\mathbf{X}$ é uma matriz de coeficientes conhecidos, $N \times p$, $\mathbf{Z}$ é uma matriz de coeficientes, $N \times r$, $\mathbf{u}$ é um vetor de parâmetros de efeitos aleatórios, $r \times 1$, e $\mathbf{e}$ é um vetor de erros, $N \times 1$. É assumido para o modelo (1) que $E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $E(\mathbf{y}|\mathbf{u}) = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u}$, $E(\mathbf{u}) = \mathbf{E}(\mathbf{e}) = \mathbf{0}$, $Var(\mathbf{u}) = \mathbf{G}$, $Var(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$, $Cov(\mathbf{u}, \mathbf{e}') = \mathbf{0}$ de modo que, $Var(\mathbf{y}) = Var(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}) + Var(\mathbf{Z}\mathbf{u}) + Var(\mathbf{e}) = \mathbf{Z}Var(\mathbf{u})\mathbf{Z}' + Var(\mathbf{e}) = \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{R} = \mathbf{V}$.

Considerando que $\mathbf{y}$, $\mathbf{u}$ e $\mathbf{e}$ tenham distribuição normal multivariada,

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{u} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{R} & \vdots & \mathbf{ZG} & \mathbf{R} \\ \dots\dots\dots & \dots & \dots & \dots \\ \mathbf{GZ}' & \vdots & \mathbf{G} & \emptyset \\ \mathbf{R} & \vdots & \emptyset & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right), \quad (2)$$

em que $\emptyset$ representa uma matriz nula e $\mathbf{0}$ um vetor nulo. Se os resíduos têm variâncias homogêneas, então, $\mathbf{R} = \mathbf{I}_N\sigma_e^2$, sendo σ_e^2 a variância residual. Similarmente, $\mathbf{G}$ é a matriz de covariância dos efeitos aleatórios. Se $\mathbf{u}$ é um vetor de efeitos genéticos aditivos, então um modelo univariado $\mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_u^2$, sendo σ_u^2 a variância genética aditiva e $\mathbf{A}$ o numerador da matriz de parentesco (HENDERSON, 1975). Um elemento da diagonal é $a_{ii} = 1 + F_i$, sendo F_i é o coeficiente de endogamia individual i ; o elemento fora da diagonal a_{ij} mensura a proporção de genes em comum. A matriz de variância e covariâncias de y é então

$\mathbf{V} = \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{R}$, a qual depende da matriz de incidência $\mathbf{Z}$, e também das estruturas de $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$. A (co)variância total é a soma da (co)variância genética aditiva e da (co)variância residual. O coeficiente de herdabilidade é $h^2 = \frac{\sigma_u^2}{\sigma_u^2 + \sigma_e^2}$, que mensura a fração da seleção diferencial que é esperada ser observada em seus filhos.

O vetor de observações $\mathbf{y}$, a matriz de incidência de valores genéticos $\mathbf{Z}$ e o vetor de efeitos genéticos $\mathbf{u}$ apresentam N linhas, representando cada observação individual, ou seja, cada animal produz uma equação. No modelo animal o número de equações a serem resolvidas equivale ao número de animais observados. A estimação de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios são realizadas por meio da derivação das equações de modelos mistos (EMM). Esta derivação pode ser feita pela maximização da função densidade de probabilidade conjunta de $\mathbf{y}$ e $\mathbf{u}$. Em um modelo linear misto a relação entre a média da variável dependente $\mathbf{y}$ e os efeitos fixos e aleatórios podem ser modelados como uma função linear, a variância não é uma função da média, e que os efeitos aleatórios seguem uma distribuição normal, Então,

$$\mathbf{y}|\mathbf{u} \sim N(\mathbf{X}\beta + \mathbf{Zu}, \mathbf{R}),$$

em que $\mathbf{u} \sim N(0, \mathbf{G})$, $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ são matrizes conhecidas, e as matrizes de covariância $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$ podem depender de um conjunto de componentes de variância desconhecidos. Em um modelo linear misto, qualquer um ou todos esses pressupostos podem ser violados para certas características. Martins et al. (1997) descrevem a função densidade de probabilidade conjunta de $\mathbf{y}$ e $\mathbf{u}$ como o produto da função densidade de probabilidade condicional de $\mathbf{y}$ dado $\mathbf{u}$, pela função densidade de probabilidade de $\mathbf{u}$,

$$f(\mathbf{y}, \mathbf{u}) = f(\mathbf{y}|\mathbf{u})f(\mathbf{u}),$$

ou seja,

$$f(\mathbf{y}, \mathbf{u}) = \frac{1}{(2\pi)^{N/2} |\mathbf{R}|^{1/2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} [(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Zu})' \mathbf{R}^{-1} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Zu})] \right\} \frac{1}{(2\pi)^{r/2} |\mathbf{G}|^{1/2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} [\mathbf{u}' \mathbf{G}^{-1} \mathbf{u}] \right\}, \quad (3)$$

em que N e r são, respectivamente, o posto da matriz $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$. Para a maximização da

função (3) toma-se $L(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}) = \ln[f(\mathbf{y}, \mathbf{u})]$, e então,

$$\begin{aligned} L(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}) &= -\frac{1}{2}(N+r)\ln(2\pi) - \frac{1}{2}(\ln|\mathbf{R}| + \ln|\mathbf{G}|) - \\ &- \frac{1}{2}\left(\mathbf{y}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} - 2\mathbf{y}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - 2\mathbf{y}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u} + 2\boldsymbol{\beta}'\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u} + \boldsymbol{\beta}'\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{u}'\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{u}'\mathbf{G}^{-1}\mathbf{u}\right). \end{aligned}$$

Na derivação de $L(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u})$ em relação a $\boldsymbol{\beta}$ e $\mathbf{u}$, obtêm-se as seguintes equações:

$$\begin{aligned} \frac{L(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u})}{\partial\boldsymbol{\beta}} &= -\frac{1}{2}\frac{\partial(\mathbf{y}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta})}{\partial\boldsymbol{\beta}} - \frac{1}{2}\frac{\partial(\boldsymbol{\beta}'\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u})}{\partial\boldsymbol{\beta}} - \frac{1}{2}\frac{\partial(\boldsymbol{\beta}'\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta})}{\partial\boldsymbol{\beta}} \\ &= -\frac{1}{2}\left(-\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} + \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}\right), \end{aligned} \quad (4)$$

e

$$\begin{aligned} \frac{L(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u})}{\partial\mathbf{u}} &= \frac{\partial(\mathbf{y}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u})}{\partial\mathbf{u}} - \frac{\partial(\boldsymbol{\beta}'\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u})}{\partial\mathbf{u}} - \frac{1}{2}\frac{\partial(\mathbf{u}'\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u})}{\partial\mathbf{u}} - \frac{1}{2}\frac{\partial(\mathbf{u}'\mathbf{G}\mathbf{u})}{\partial\mathbf{u}} \\ &= \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} - \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{u} - \mathbf{G}^{-1}\mathbf{u}. \end{aligned} \quad (5)$$

Tomando $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ e $\hat{\mathbf{u}}$ de tal maneira que as equações (4) e (5) se tornem nulas, chega-se às equações de modelos mistos (EMM):

$$\begin{aligned} \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} - \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} - \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\hat{\mathbf{u}} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} - \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} - \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\hat{\mathbf{u}} - \mathbf{G}^{-1}\hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix} \Leftrightarrow \\ \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} + \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\hat{\mathbf{u}} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} + \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\hat{\mathbf{u}} + \mathbf{G}^{-1}\hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix} \Leftrightarrow \\ \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}. \end{aligned} \quad (6)$$

Por meio das EMM podemos obter estimativas para os efeitos fixos $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ e predições para os efeitos aleatórios $\hat{\mathbf{u}}$ a partir das equações (6).

$$(\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X})\hat{\boldsymbol{\beta}} + (\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z})\hat{\mathbf{u}} = \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y}. \quad (I)$$

$$(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X})\hat{\boldsymbol{\beta}} + (\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})\hat{\mathbf{u}} = \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y}. \quad (II)$$

Da segunda equação (II) tem-se:

$$\begin{aligned} (\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})\hat{\mathbf{u}} &= \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} - (\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X})\hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \therefore \hat{\mathbf{u}} &= (\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}). \end{aligned}$$

Substituindo $\hat{\mathbf{u}}$ em (I):

$$\begin{aligned} (\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X})\hat{\boldsymbol{\beta}} &+ (\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z})[(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})] = \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ (\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X})\hat{\boldsymbol{\beta}} &+ (\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z})(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} - (\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z})(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} = \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ [(\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}) &- (\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z})(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}]\hat{\boldsymbol{\beta}} = \mathbf{X}'[\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}]\mathbf{y} \\ \therefore \hat{\boldsymbol{\beta}} &= \{\mathbf{X}'[\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}]\mathbf{X}^{-}\}.\mathbf{X}'[\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}]\mathbf{y}. \end{aligned}$$

Assumindo $\mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_{\mathbf{u}}^2$ e $\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_{\mathbf{e}}^2$, tem-se o seguinte sistema de equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}\boldsymbol{\alpha} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix},$$

em que $\boldsymbol{\alpha} = \frac{\sigma_{\mathbf{e}}^2}{\sigma_{\mathbf{u}}^2} = \frac{(1-h^2)}{h^2}$, sendo h^2 um valor inicial de herdabilidade normalmente encontrado na literatura. Henderson et al. (1959) provaram que a solução $\hat{\boldsymbol{\beta}}$, obtida a partir da dedução do sistema (6), é também uma solução de mínimos quadrados generalizados (GLS), utilizando-se um modelo que ignora $\mathbf{u}$, ou seja,

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

em que $\boldsymbol{\varepsilon} = \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}$.

Nesse caso, $E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $Var(\mathbf{y}) = \mathbf{V} = \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{R}$ e a função de densidade de $\mathbf{y}$ pode ser escrita na forma

$$f(\mathbf{y}) = \frac{1}{(2\pi)^{N/2} |\mathbf{V}|^{1/2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} [(\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta})' \mathbf{V}^{-1} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta})] \right\}.$$

Para a maximização dessa função toma-se $L(\boldsymbol{\beta}) = \ln[f(\mathbf{y})]$, e então,

$$L(\boldsymbol{\beta}) = -\frac{1}{2}N \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln |\mathbf{V}| - \frac{1}{2} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta})' \mathbf{V}^{-1} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}).$$

Na derivação da função $L(\boldsymbol{\beta})$ em relação a $\boldsymbol{\beta}$, obtém-se:

$$\frac{\partial L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \boldsymbol{\beta}} = \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y} - \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}. \quad (7)$$

Tomando $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ de tal modo que a equação (7) se torne nula, obtêm-se as equações GLS para $\boldsymbol{\beta}$ que são dadas por

$$\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} = \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}. \quad (8)$$

Na segunda equação em (6) verifica-se que

$$\hat{\mathbf{u}} = \left(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1}\right)^{-1} \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} - \left(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1}\right)^{-1} \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}. \quad (9)$$

Como as equações GLS para $\hat{\boldsymbol{\beta}}$, dadas por (8), são $\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} = \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$, prova-se que

$$\mathbf{V}^{-1} = \mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \left(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1}\right)^{-1} \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}. \quad (10)$$

2.2.3 Efeitos Fixos

As propriedades estatísticas do estimador de efeitos fixos ($\hat{\boldsymbol{\beta}}$) são:

i) $\hat{\boldsymbol{\beta}} = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$ (HENDERSON et al., 1959) solução GLS para o modelo $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \epsilon$.

ii) Variância de $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ é dada por, sabendo que $\hat{\boldsymbol{\beta}} = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$ e $\mathbf{V}^{-1} = \mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}$

$$\text{Var}(\hat{\boldsymbol{\beta}}) = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\text{Var}(\mathbf{y})\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}$$

$$\text{Var}(\hat{\boldsymbol{\beta}}) = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{V}\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}$$

$$\text{Var}(\hat{\boldsymbol{\beta}}) = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1} = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}.$$

Sendo $\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}$ uma matriz simétrica, a escolha de uma matriz inversa generalizada leva a propriedade $(\mathbf{A}^{-}\mathbf{A}\mathbf{A}^{-} = \mathbf{A}^{-})$ (SEARLE, 1971). Podemos escrever $\text{Var}(\hat{\boldsymbol{\beta}}) = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}$ substituindo $\mathbf{V}^{-1}$ por $\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}$, logo,

$$\text{Var}(\hat{\boldsymbol{\beta}}) = \{\mathbf{X}'[\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}]\mathbf{X}\}^{-1}$$

$$\text{Var}(\hat{\boldsymbol{\beta}}) = \{\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} - \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\}^{-1}$$

iii) Para um dado conjunto de funções estimáveis, estabelecidas por uma matriz conhecida $\mathbf{K}$, a variância $\mathbf{K}'\hat{\boldsymbol{\beta}}$, é dado por:

$$\text{Var}(\mathbf{K}'\hat{\boldsymbol{\beta}}) = \mathbf{K}'\text{Var}(\hat{\boldsymbol{\beta}})\mathbf{K} = \mathbf{K}'\{\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} - \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{X}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\}^{-1}\mathbf{K}. \quad (11)$$

2.2.4 Efeitos Aleatórios

As propriedades estatísticas do preditor de efeitos aleatórios ($\hat{\mathbf{u}}$) são:

i) Pelas equações de modelos mistos obtém-se $\hat{\mathbf{u}}$ o melhor preditor não-viesado (BLUP). O BLUP pode ser visto como o resultado da regressão dos efeitos de um fator aleatório ($\mathbf{u}$) em função das observações $\mathbf{y}$ corrigidas para os efeitos fixos ($\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$). Sendo que, $(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1} = \mathbf{G}\mathbf{Z}'(\mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{R})^{-1}$ (HENDERSON et al., 1959) é o conjunto de coeficientes de regressão de $\mathbf{u}$ em função de $\mathbf{y}$, $\mathbf{G}\mathbf{Z}'$ é a matriz de covariâncias entre $\mathbf{u}$ e $\mathbf{y}$, e $(\mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{R})^{-1}$ é a inversa da matriz de variância de $\mathbf{y}$, o termo $(\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta})$ contém os valores das observações ($\mathbf{y}$) corrigidas para os efeitos $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$.

ii) A variância de $\hat{\mathbf{u}}$, é dada por:

$$\begin{aligned} \text{Var}(\hat{\mathbf{u}}) &= \text{Var}[\mathbf{G}\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})] \\ \text{Var}(\hat{\mathbf{u}}) &= \mathbf{G}\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1}\text{Var}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})\mathbf{V}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G}' \\ \text{Var}(\hat{\mathbf{u}}) &= \mathbf{G}\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1}[\text{Var}(\mathbf{y}) - 2\text{Cov}(\mathbf{y}, \hat{\boldsymbol{\beta}}'\mathbf{X}') + \text{Var}(\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})]\mathbf{V}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G}', \end{aligned}$$

como $\text{Cov}(\mathbf{y}, \hat{\boldsymbol{\beta}}'\mathbf{X}') = \text{Var}(\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})$, podem-se substituir, $\text{Var}(\hat{\mathbf{u}}) = \mathbf{G}\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1}[\text{Var}(\mathbf{y}) - \text{Var}(\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})]\mathbf{V}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G}'$, então,

$$\begin{aligned} \text{Var}(\hat{\mathbf{u}}) &= \mathbf{G}\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1}[\mathbf{V} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}']\mathbf{V}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G}' \\ \text{Var}(\hat{\mathbf{u}}) &= \mathbf{G}\mathbf{Z}'[\mathbf{V}^{-1} - \mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}]\mathbf{Z}\mathbf{G}' \\ \text{Var}(\hat{\mathbf{u}}) &= \mathbf{G}\mathbf{Z}'\{[\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}] - [\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}] \\ &\quad \times \mathbf{X}[\mathbf{X}'(\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1})\mathbf{X}]^{-1}\mathbf{X}'[\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}]\} \\ &\quad \times \mathbf{Z}\mathbf{G}'. \end{aligned}$$

iii) A variância do erro de predição é dada por: $\text{Var}(\mathbf{u} - \hat{\mathbf{u}}) = \text{Var}(\mathbf{u}) - 2\text{Cov}(\mathbf{u}, \hat{\mathbf{u}}') + \text{Var}(\hat{\mathbf{u}})$, mas $\text{Cov}(\mathbf{u}, \hat{\mathbf{u}}') = \text{Var}(\hat{\mathbf{u}})$, então, $\text{Var}(\mathbf{u} - \hat{\mathbf{u}}) = \text{Var}(\mathbf{u}) - \text{Var}(\hat{\mathbf{u}})$ de modo que teremos,

$$\begin{aligned} \text{Var}(\mathbf{u} - \hat{\mathbf{u}}) &= \mathbf{G} - \mathbf{G}\mathbf{Z}' \{ [\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}] - [\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}] \\ &\times \mathbf{X}[\mathbf{X}'(\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1})\mathbf{X}]\mathbf{X}'[\mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}] \} \\ &\times \mathbf{Z}\mathbf{G}'. \end{aligned}$$

2.2.5 Reparametrização

Harville (1977) substitui $\hat{\mathbf{u}}$ por $\mathbf{G}\hat{\boldsymbol{\nu}}$ e neste caso, o sistema de equações normais do modelo misto equivalente ao sistema apresentado em (6) é

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G} + \mathbf{I} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\boldsymbol{\nu}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}. \quad (12)$$

A segunda equação em (12) é equivalente a

$$\left(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G} + \mathbf{I}\right) \hat{\boldsymbol{\nu}} = \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} - \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} \Leftrightarrow \hat{\boldsymbol{\nu}} = \left(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G} + \mathbf{I}\right)^{-} \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1} \left(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}\right). \quad (13)$$

Uma demonstração análoga a que foi realizada para mostrar a igualdade em (10) prova que

$$\mathbf{V}^{-1} = \mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G} \left(\mathbf{I} + \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G}\right)^{-} \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1},$$

e, além disso, tem-se que

$$\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1} = \left(\mathbf{I} + \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G}\right)^{-} \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}. \quad (14)$$

Substituindo (14) em (13) obtêm-se

$$\hat{\boldsymbol{\nu}} = \mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1} \left(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}\right). \quad (15)$$

Por (8), sabe-se que $\hat{\boldsymbol{\beta}} = \left(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\right)^{-} \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$, portanto (15) pode ser reescrita por

$$\begin{aligned} \hat{\boldsymbol{\nu}} &= \mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1} \left[\mathbf{y} - \mathbf{X} \left(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\right)^{-} \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}\right] \Leftrightarrow \hat{\boldsymbol{\nu}} = \mathbf{Z}' \left[\mathbf{V}^{-1} - \mathbf{V}^{-1}\mathbf{X} \left(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\right)^{-} \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\right] \mathbf{y} \\ &= \mathbf{Z}'\mathbf{P}\mathbf{y}, \end{aligned}$$

com

$$\mathbf{P} = \mathbf{V}^{-1} - \mathbf{V}^{-1}\mathbf{X} \left(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X} \right)^{-} \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}. \quad (16)$$

Isolando β na primeira equação do sistema (12) tem-se

$$\hat{\beta} = \left(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X} \right)^{-} \left(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y} - \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G}\hat{\nu} \right),$$

que ao ser substituído na segunda equação do sistema (12) obtém-se

$$\hat{\nu} = \left(\mathbf{I} + \mathbf{Z}'\mathbf{S}\mathbf{Z}\mathbf{G} \right)^{-} \mathbf{Z}'\mathbf{S}\mathbf{y},$$

com $\mathbf{S} = \mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} \left(\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} \right)^{-} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}$.

O sistema (12) é importante por não exigir a inversão da matriz $\mathbf{G}$. Porém, em (6), a matriz de coeficientes do sistema sempre é definida positiva simétrica ou semidefinida, o que pode ser uma propriedade útil do ponto de vista computacional. Para a estimação dos componentes de variância e covariância, os algoritmos DFREML e AIREML são usados tomando como base o REML.

2.2.6 Método da máxima verossimilhança restrita

Os melhoristas animais Cullingham e Henderson (1968) descreveram um procedimento iterativo para estimar componentes de variância e efeitos fixos o qual pode ter sido o precursor do que é hoje conhecido como Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). O estatístico Thompson (1969) que trabalhava ativamente em problemas de melhoramento genético animal, corrigiu o erro no denominador do estimador da variância residual de Cullingham e Henderson (1968). Dois anos depois, Patterson e Thompson (1971) apresentaram o que é conhecido como REML. Eles maximizaram a parte da verossimilhança da normal multivariada associada com os efeitos aleatórios, depois essencialmente ajustaram para as estimativas de efeitos fixos. Essa derivação foi feita para uma função estimável $\mathbf{K}'\mathbf{y}$.

Segundo Harville (1977) e Meyer (1991), o Método de Máxima Verossimilhança para estimar os componentes de variância, constantemente é criticado por não levar em consideração os graus de liberdade perdidos na estimação dos efeitos fixos con-

tidos no vetor β . Este problema pode ser contornado usando o método de aproximação de máxima verossimilhança restrita, no qual substitui o vetor respostas $\mathbf{y}$ por uma combinação linear, chamada de contraste de erros, $\mathbf{S}\mathbf{y}$ com esperança zero, isto é, $\mathbf{S}\mathbf{X} = \mathbf{0}$. O número máximo possível de combinações lineares de contrastes de erros é $N - p^*$, em que p^* é o posto da matriz $\mathbf{X}$.

Searle (1979) definiu

$$\mathbf{M} = \mathbf{I} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}', \quad (17)$$

e observou a seguinte propriedade:

$$\begin{aligned} \mathbf{M}^2 &= \mathbf{M}\mathbf{M} = \left(\mathbf{I} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}'\right) \left(\mathbf{I} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}'\right) \\ &= \mathbf{I} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}' - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}' + \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}'\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}' \\ &= \mathbf{I} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}' = \mathbf{M} = \mathbf{M}'. \end{aligned} \quad (18)$$

Além disso,

$$\mathbf{M}\mathbf{X} = \mathbf{0}, \quad \mathbf{X}'\mathbf{M} = \mathbf{0} \quad e \quad (19)$$

$$tr(\mathbf{M}) = tr(\mathbf{I}) - tr\left(\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}'\right) = r(\mathbf{M}) = N - p^*, \quad (20)$$

em que $r(\mathbf{M})$ representa o posto de $\mathbf{M}$.

Por (18) e (20) pode-se concluir que $\mathbf{M}$ é simétrica e idempotente de posto $N - p^*$ e portanto, sua decomposição na forma canônica sob similaridade ortogonal é

$$\mathbf{U}\mathbf{M}\mathbf{U}' = \begin{bmatrix} \mathbf{I}_{N-p^*} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} \end{bmatrix},$$

em que $\mathbf{U}$ é uma matriz ortogonal, ou seja, $\mathbf{U}\mathbf{U}' = \mathbf{I}$.

A matriz dada em (16)

$$\mathbf{P} = \mathbf{V}^{-1} - \mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}, \quad (21)$$

é uma generalização da matriz $\mathbf{M}$, pois, quando $\mathbf{V} = \mathbf{I}$, $\mathbf{P}$ torna-se $\mathbf{M}$.

Searle (1979) apresenta algumas relações importantes entre as matrizes $\mathbf{M}$ e $\mathbf{P}$, iniciando com

$$\mathbf{PM} = \mathbf{P} - \mathbf{PX}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-} = \mathbf{P} \quad \text{e} \quad \mathbf{MP} = \mathbf{P} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}'\mathbf{P} = \mathbf{P}, \quad (22)$$

pois, $\mathbf{PX} = \mathbf{0}$ e $\mathbf{X}'\mathbf{P} = \mathbf{0}$.

Pós-multiplicando (22) por $\mathbf{VM}$ obtêm-se

$$\mathbf{PMVM} = \mathbf{PVM} = \mathbf{MPVM} = \mathbf{M}. \quad (23)$$

De (22) e (23) estabelece-se que $\mathbf{P}$ é a inversa de Moore-Penrose da matriz $\mathbf{MVM}$ e por unicidade, conclui-se que

$$\mathbf{P} = \mathbf{A}(\mathbf{A}'\mathbf{VA})^{-1}\mathbf{A}', \quad (24)$$

em que $\mathbf{A}$ é formada pelas primeiras $N - p^*$ colunas de $\mathbf{U}'$.

Se em $\mathbf{V} = \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{R}$, a matriz $\mathbf{Z}$ for nula, então, $\mathbf{V}$ torna-se $\mathbf{R}$ e $\mathbf{P}$ dada em (16) torna-se

$$\mathbf{S} = \mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X})^{-}\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1} = \mathbf{P}, \quad \text{quando} \quad \mathbf{Z} = \mathbf{0}.$$

Uma matriz

$$\mathbf{K}' = \mathbf{W}'\mathbf{M}, \quad (25)$$

para alguma matriz $\mathbf{W}'$, de posto linha completo igual a $N - p^*$ e $\mathbf{M}$ dada por (17) satisfaz $\mathbf{K}'\mathbf{X} = \mathbf{0}$, pois, $\mathbf{MX} = \mathbf{0}$ conforme (19).

Searle (1979) mostra que a função de verossimilhança é invariante pela escolha da matriz $\mathbf{K}'$, pois, a parte diferenciável do logaritmo natural da função de verossimilhança é a mesma para todas as matrizes $\mathbf{K}' = \mathbf{W}'\mathbf{M}$ possíveis.

Como $E(\mathbf{K}'\mathbf{y}) = \mathbf{0}$ e $Var(\mathbf{K}'\mathbf{y}) = \mathbf{K}'\mathbf{VK}$, segue que, $\mathbf{K}'\mathbf{y} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{K}'\mathbf{VK})$

e a função de densidade conjunta de $\mathbf{K}'\mathbf{y}$ é dada por

$$f(\mathbf{K}'\mathbf{y}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{N-p^*}{2}} |\mathbf{K}'\mathbf{V}\mathbf{K}|^{\frac{1}{2}}} \exp \left[-\frac{1}{2} (\mathbf{K}'\mathbf{y})' (\mathbf{K}'\mathbf{V}\mathbf{K})^{-1} \mathbf{K}'\mathbf{y} \right].$$

O logaritmo da função de verossimilhança é dado por

$$L(\boldsymbol{\theta}) = -\frac{N-p^*}{2} \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{K}'\mathbf{V}\mathbf{K}|) - \frac{1}{2} \mathbf{y}' \mathbf{K} (\mathbf{K}'\mathbf{V}\mathbf{K})^{-1} \mathbf{K}'\mathbf{y} \quad (26)$$

em que $\boldsymbol{\theta}$, com elementos θ_i , $i = 1, 2, \dots, k$ é o vetor de componentes de variância e covariância a serem estimados de modo que $\mathbf{V}$ seja linear em $\boldsymbol{\theta}$, ou seja, $\mathbf{V} = \sum_{i=1}^k \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \theta_i} \theta_i$.

Pode-se escrever $\mathbf{K}' = \mathbf{F}'\mathbf{A}'$, em que $\mathbf{F}' = ({}_{N-p^*}\mathbf{W}_N) ({}_NA_{N-p^*})$.

Então,

$$|\mathbf{K}'\mathbf{V}\mathbf{K}| = |\mathbf{F}'\mathbf{A}'\mathbf{V}\mathbf{A}\mathbf{F}| = |\mathbf{F}'| |\mathbf{A}'\mathbf{V}\mathbf{A}| |\mathbf{F}| = |\mathbf{F}|^2 |\mathbf{A}'\mathbf{V}\mathbf{A}|. \quad (27)$$

e

$$\mathbf{K} (\mathbf{K}'\mathbf{V}\mathbf{K}')^{-1} \mathbf{K}' = \mathbf{A} (\mathbf{A}'\mathbf{V}\mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}' = \mathbf{P}. \quad (28)$$

Substituindo (27) e (28) em (26) obtêm-se

$$L(\boldsymbol{\theta}) = -\frac{N-p^*}{2} \ln(2\pi) - \ln(|\mathbf{F}|) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{A}'\mathbf{V}\mathbf{A}|) - \frac{1}{2} \mathbf{y}' \mathbf{P} \mathbf{y}. \quad (29)$$

Considerando a partição de $\mathbf{X}$ da forma, ${}_N\mathbf{X}_q = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^* & \mathbf{Q} \end{bmatrix}$ em que ${}_N\mathbf{X}_{q^*}^*$ é uma matriz constituída por quaisquer p^* colunas independentes de $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Q}$ uma matriz, $N \times (q - p^*)$ formada pelas colunas de $\mathbf{X}$ que não aparecem em $\mathbf{X}^*$, pode-se observar que

$$\mathbf{K}'\mathbf{X} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^* & \mathbf{Q} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{K}'\mathbf{X}^* & \mathbf{K}'\mathbf{Q} \end{bmatrix} = \mathbf{0},$$

então, as linhas de $\mathbf{K}'$ e as colunas de $\mathbf{X}^*$ são linearmente independentes e portanto, a matriz $\begin{bmatrix} \mathbf{K} & \mathbf{X}^* \end{bmatrix}$ de ordem N é uma matriz não singular. Em particular se $\mathbf{F} = \mathbf{I}$, segue que $\mathbf{K}' = \mathbf{A}'$, logo, $\begin{bmatrix} \mathbf{A} & \mathbf{X}^* \end{bmatrix}$ também é não singular.

Substituindo $\mathbf{X}$ por $\mathbf{X}^*$ na definição de $\mathbf{P}$ em (16), obtêm-se a matriz

$$\mathbf{P}^* = \mathbf{V}^{-1} - \mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}^* \left(\mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X}^* \right)^{-1} \mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{V}^{-1}.$$

Para provar que $\mathbf{P} = \mathbf{P}^*$ é preciso observar que a matriz $\mathbf{V}^{-1}$ é simétrica definida positiva, portanto existe uma matriz $\mathbf{L}$ não singular tal que $\mathbf{V}^{-1} = \mathbf{L}'\mathbf{L}$. Dessa forma $\mathbf{LX} = \begin{bmatrix} \mathbf{LX}^* & \mathbf{LQ} \end{bmatrix}$.

A expressão do logaritmo da função de verossimilhança descrita em (29) pode ser reescrita da forma

$$\begin{aligned} L(\boldsymbol{\theta}) &= -\frac{N-p^*}{2} \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{F}|) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{X}^*|) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{V}|) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X}^*|) \\ &\quad - \frac{1}{2} \mathbf{y}' \mathbf{P} \mathbf{y}. \end{aligned} \quad (30)$$

Os três primeiros termos de (30) dependem somente de $\mathbf{X}$, $\mathbf{A}$ e $\mathbf{K}$, portanto não dependem de nenhum parâmetro do modelo. Logo a menos de uma constante aditiva, o logaritmo da função de verossimilhança de $\mathbf{K}'\mathbf{y}$ para qualquer matriz $\mathbf{K}'$ especificada em (25) é

$$\begin{aligned} L_1(\boldsymbol{\theta}) &= -\frac{1}{2} \ln(|\mathbf{V}|) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X}^*|) - \frac{1}{2} \mathbf{y}' \mathbf{P} \mathbf{y} \\ &= -\frac{1}{2} \ln(|\mathbf{V}|) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X}^*|) - \frac{1}{2} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})' \mathbf{V}^{-1} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}) \\ &= -\frac{1}{2} \ln(|\mathbf{V}|) - \frac{1}{2} \ln(|\mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X}^*|) - \frac{1}{2} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}})' \mathbf{P} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}). \end{aligned} \quad (31)$$

Trocando-se a matriz $\mathbf{X}$ por $\mathbf{X}^*$ na matriz de coeficientes das equações normais dadas em (6), tem-se

$$\mathbf{C}^* = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{R}^{-1} \mathbf{X}^* & \mathbf{X}^{*\prime} \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}' \mathbf{R}^{-1} \mathbf{X}^* & \mathbf{Z}' \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix}.$$

O logaritmo da função de verossimilhança dada por (31) pode ser reescrita da forma

$$-2L(\boldsymbol{\theta}) = \text{const} + \ln(|\mathbf{R}|) + \ln(|\mathbf{G}|) + \ln(|\mathbf{C}^*|) + \mathbf{y}' \mathbf{P} \mathbf{y}, \quad (32)$$

concordando com a expressão do logaritmo da função de verossimilhança apresentado por Meyer (1989 e 1998).

2.3 Modelo animal

Se $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}$, representa um modelo animal linear multivariado, então $\mathbf{u}$ sempre inclui um subvetor de efeitos genéticos aditivos dos animais, $\mathbf{a}$, e pode conter efeitos aleatórios adicionais, como por exemplo, efeitos genéticos maternos dos animais e efeitos de ambiente permanente.

Para simplificar, suponha que $\mathbf{u} = \mathbf{a}$ e que todos os animais tenham sido medidos em todas as t idades e em cada idade uma única vez. Sejam $\mathbf{G}_0$ e $\mathbf{R}_0$ as matrizes, $t \times t$, de covariâncias genética aditiva e residual, respectivamente, entre as medidas. Isto significa que $Var(\mathbf{a}) = \mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0$, em que $\mathbf{A}$ é a matriz de parentesco dos animais e representa $\otimes$ produto direto de matrizes.

Assumi-se que $\mathbf{y}$ esteja ordenado de acordo com as idades dentro dos animais e que a $Var(\mathbf{e}) = \mathbf{R} = \mathbf{I}_N \otimes \mathbf{R}_0$, com $\mathbf{I}_N$ representando a matriz identidade de ordem N .

O logaritmo da função de verossimilhança restrita dada por (32), passa a ser

$$\begin{aligned}
 -2L(\boldsymbol{\theta}) &= \text{const} + \ln(|\mathbf{R}|) + \ln(|\mathbf{G}|) + \ln(|\mathbf{C}^*|) + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y} \\
 &= \text{const} + \ln(|\mathbf{I}_N \otimes \mathbf{R}_0|) + \ln(|\mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0|) + \ln(|\mathbf{C}^*|) + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y} \\
 &= \text{const} + \ln(|\mathbf{I}_N|^t |\mathbf{R}_0|^N) + \ln(|\mathbf{A}|^t |\mathbf{G}_0|^{N_A}) + \ln(|\mathbf{C}^*|) + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y} \\
 &= \text{const} + N \ln(|\mathbf{R}_0|) + t \ln(|\mathbf{A}|) + N_A \ln(|\mathbf{G}_0|) + \ln(|\mathbf{C}^*|) + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y}, \quad (33)
 \end{aligned}$$

em que, N_A é o número total de animais na análise, incluindo todos os parentes que não possuem registro de dados.

2.3.1 Modelo animal com efeito materno

É o modelo que contempla efeito materno e possui dois tipos de efeitos aleatórios. Hohenboken (1985), definiu efeito materno como qualquer contribuição, influência ou impacto sobre o fenótipo do indivíduo, que possa ser atribuído diretamente ao fenótipo de sua mãe.

Dickerson (1947) e Koch e Clark (1955) foram quem desenvolveram as bases

biométricas para análise de efeito materno. Willham (1963) expressou os efeitos maternos em termos de modelos lineares e Willham (1972) desenvolveu princípios de análise biométrica para efeitos diretos e maternos e também considerou a influência dos efeitos da avó. Thompson (1976) desenvolveu uma aproximação de máxima verossimilhança, baseada em uma análise de variância multivariada, para estimativa de variância genética materna. Neste trabalho ele descreveu como o método pode ser aplicado para a estimação da variância genética materna e como pode ser modificado, quando os pais são selecionados pelos seus valores fenotípicos.

Apesar de ser uma metodologia de meados do século passado, apenas com o advento dos computadores se têm estudado modelos com efeitos maternos de forma mais abrangente, em grande parte devido a dificuldade de se trabalhar com dois tipos de efeitos aleatórios, sendo que em muitos destes estudos tem se verificado correlação genética entre os efeitos diretos e maternos para características de crescimento. O modelo animal materno em sua forma matricial pode ser escrito por

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{W}\mathbf{m} + \mathbf{e} \quad (34)$$

sendo que, $\mathbf{y}$ é o vetor $(n \times 1)$ de observações da característica, n é o número de animais em avaliação; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor $(p \times 1)$ de efeitos fixos, com p o número de efeitos fixos; $\mathbf{X}$ é a matriz $(n \times p)$ de incidência de efeitos fixos, associando elementos de $\boldsymbol{\beta}$ e $\mathbf{y}$; $\mathbf{u}$ é o vetor $(n \times 1)$ de efeitos aleatórios (efeitos genéticos aditivos dos animais); $\mathbf{Z}$ é uma matriz diagonal $(n \times n)$ de incidência de efeitos aleatórios, constituída de “1” ou “0”, na diagonal principal, dependendo se a característica foi medida ou não, no animal; $\mathbf{m}$ é o vetor $(n \times 1)$ de efeitos aleatórios maternos (efeitos genéticos indiretos); $\mathbf{W}$ é uma matriz diagonal $(n \times n)$ de incidência de efeitos maternos; $\mathbf{e}$ é o vetor $(n \times 1)$ de variáveis aleatórias não observáveis.

Para o modelo animal com efeitos maternos adota-se as seguintes pressuposições:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{u} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{WMW}' + \mathbf{R} & \vdots & \mathbf{ZG} & \mathbf{WM} & \mathbf{R} \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \\ \mathbf{GZ}' & \vdots & \mathbf{G} & \emptyset & \emptyset \\ \mathbf{MW}' & \vdots & \emptyset & \mathbf{M} & \emptyset \\ \mathbf{R} & \vdots & \emptyset & \emptyset & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right),$$

em que, $\emptyset$ é uma matriz de zeros; $\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$ é a matriz de variância e covariância residual, $\mathbf{I}$ é a matriz identidade de ordem igual ao número de animais em estudo; $\mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_a^2$ é a matriz de variância e covariâncias dos efeitos genéticos aditivos u , σ_a^2 é a variância genética aditiva; $\mathbf{A}$ é a matriz de parentesco genético entre os animais; $\mathbf{M} = \mathbf{A}\sigma_{am}^2$ é a matriz de variância e covariâncias dos efeitos genéticos aditivos maternos; σ_{am}^2 é a variância genética aditiva materna.

Estimativas de parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características das fases pré e pós-desmama em populações exclusivamente zebuínas são abundantes na literatura (MERCADANTE e LÔBO, 1997; ELER et al., 2001a,b). Na maioria dos estudos, os valores dos parâmetros genéticos foram bastante variáveis e indicaram grande influência materna nas características, além de antagonismo genético entre os efeitos direto e materno. Entretanto, poucos estudos mostraram influência da inclusão dos componentes do efeito materno (efeitos genético materno e de ambiente permanente) no modelo de análise sobre as estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para populações de bovinos compostos.

2.3.2 Modelo com ambiente permanente materno

Em espécies de mamíferos para pecuária, tais como gado de corte, a fêmea provê um ambiente (proteção e nutrição) para que a sua progênie possa sobreviver e crescer. As fêmeas variam nesta habilidade para prover um ambiente adequado para seus filhos, e essa variabilidade tem uma base genética. As progênies herdaram diretamente de ambos os pais a capacidade de crescer (ou sobreviver), e ambientalmente esta capacidade pode melhorar ou piorar dependendo de suas mães e da habilidade materna delas. A habilidade materna é uma característica genética expressada pelas mães nos desempenho de seus filhos, e é transmitida, como todas as características genéticas, por ambos os pais.

A habilidade materna é somente expressada pelas fêmeas quando elas tem filhos.

Um modelo em que a habilidade materna é considerada é:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{W}\mathbf{m} + \mathbf{Q}\mathbf{p} + \mathbf{e}, \quad (35)$$

sendo, $\mathbf{y}$ o vetor ($n \times 1$) de observações da característica; n o número de animais em avaliação; $\boldsymbol{\beta}$ um vetor de fatores fixos que influenciam $\mathbf{y}$, tais como grupo de contemporâneos, sexo da progênie, ou idade da mãe; $\mathbf{u}$ é um vetor de efeitos genéticos aditivos (efeitos genéticos diretos) dos animais; $\mathbf{m}$ é um vetor de efeitos aleatórios maternos; e $\mathbf{p}$, neste modelo, é um vetor de efeito de ambiente permanente materno (pois as mães podem ter mais de uma progênie no banco de dados).

A esperança dos vetores aleatórios, $\mathbf{a}$, $\mathbf{m}$, $\mathbf{p}$ e $\mathbf{e}$, são assumidos todos nulos, e a estrutura de variância e covariância é,

$$Var \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}\sigma_a^2 & \mathbf{A}\sigma_{am} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{A}\sigma_{am} & \mathbf{A}\sigma_m^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_p^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_e^2 \end{bmatrix},$$

sendo, σ_a^2 é a variância genética aditiva, σ_m^2 é a variância genética materna, σ_{am} é a covariância genética aditiva materna, e σ_p^2 é a variância de ambiente permanente materno.

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \end{bmatrix} \Bigg| \mathbf{A}, \mathbf{G} \sim N \left(\begin{bmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} \right),$$

em que,

$$\mathbf{G} = \begin{pmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{pmatrix},$$

e

$$\mathbf{p} | \mathbf{I}, \sigma_p^2 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_p^2),$$

$$e \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_e^2),$$

Neste modelo, uma i -ésima fêmea, pode ter um registro próprio, uma mensuração válida para se estimar $\hat{a}_i$. A mesma fêmea pode ter progênies mais tarde para estimar $\hat{\mu}_i$ e $\hat{p}_i$ e as progênies também contribuem para $\hat{a}_i$. Os modelos de efeitos maternos podem ser mais complicados se, por exemplo, transferência por embrião for praticada. As vacas receptoras poderão ter efeitos maternos, mas não poderão ter efeitos genéticos diretos sobre o bezerro, mais detalhes ver Schaeffer e Kennedy (1989).

As equações de modelos mistos para este tipo de modelo podem ser extendidas da equação (6),

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} & \mathbf{X}'\mathbf{Q} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}\alpha_{11} & \mathbf{Z}'\mathbf{W} + \mathbf{A}^{-1}\alpha_{12} & \mathbf{Z}'\mathbf{Q} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}\alpha_{12} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \mathbf{A}^{-1}\alpha_{22} & \mathbf{W}'\mathbf{Q} \\ \mathbf{Q}'\mathbf{Q} & \mathbf{Q}'\mathbf{Z} & \mathbf{Q}'\mathbf{W} & \mathbf{Q}'\mathbf{Q} + \mathbf{I}\alpha_{33} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \mathbf{u} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Q}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix},$$

sendo,

$$\begin{pmatrix} \alpha_{11} & \alpha_{12} \\ \alpha_{21} & \alpha_{22} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{pmatrix}^{-1} \sigma_e^2.$$

Modelos animais utilizados para análise da influência materna sobre características de gado de corte (peso ao nascimento e peso a desmama) tipicamente incluem efeitos diretos e maternos e efeito permanente de ambiente materno (MEYER 1992b; WALDRON et al., 1993; ROBINSON, 1996). Este modelo foi originalmente proposto por WILLHAM (1963), mas, ele é atualmente utilizado em uma forma “reduzida” devido ao fato de que o efeito de covariância entre mãe-progênie ser assumida como zero (QUASS e POLLAK, 1980; KOERHUIS e THOMPSON, 1997). Thompson (1976) e Meyer (1992a) descreveram as dificuldades de estimar todos os parâmetros do modelo de WILLHAM (1963). A suposição de que a covariância ambiental entre mãe-progênie seja zero poderá resultar em uma estimativa mais acurada dos componentes de variância, remanescentes, mas a falha nessa suposição levando a efeitos de covariância ambiental entre mãe-progênie

diferente de zero poderá viesar as estimativas de correlação entre efeitos genéticos diretos e maternos (KOERHUIS e THOMPSON, 1997). Esta correlação, a qual é frequentemente estimada como negativa conforme Meyer (1992b), pode ser viesada para baixo devido a influência negativa das vacas sobre a habilidade materna das filhas (KOCH, 1972; WILLHAM, 1972; BAKER, 1980; CANTET et al., 1998). A preocupação de que estimativas da correlação entre efeito genéticos diretos e maternos possam ser tendenciosa é também expressa em programas de avaliação de gado, levando associações de raça a assumir essa correlação como nula (BIF, 1996).

2.3.3 Modelo animal multicaracterística

Supondo o caso em que os mesmos efeitos afetam todas as características e ainda não existe perda de observações para nenhuma delas, tem-se o modelo genérico multicaracterísticas de forma matricial dado por,

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}, \quad (36)$$

em que, $\mathbf{y}$ é o vetor ($nq \times 1$) de observações de q características medidas organizadas para cada animal, sendo n o número de animais; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor ($pq \times 1$) de efeitos fixos, com p o número de efeitos fixos; $\mathbf{X}$ é a matriz ($nq \times pq$) de incidência de p efeitos fixos; $\mathbf{u}$ é o vetor ($nq \times 1$) de efeitos aleatórios (efeitos genéticos aditivos dos animais); $\mathbf{Z}$ é uma matriz diagonal ($nq \times nq$) de incidência de efeitos aleatórios; $\mathbf{e}$ é o vetor ($nq \times 1$) de variáveis aleatórias não observáveis.

Para este modelo supõem-se uma distribuição multivariada de $\mathbf{y}$, $\mathbf{u}$ e $\mathbf{e}$,

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{u} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{R} & \vdots & \mathbf{ZG} & \mathbf{R} \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \\ \mathbf{GZ}' & \vdots & \mathbf{G} & \emptyset \\ \mathbf{R} & \vdots & \emptyset & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right),$$

sendo as medidas ordenadas dentro de cada animal no vetor $\mathbf{y}$, as matrizes $\mathbf{G}$ e $\mathbf{R}$ são definidas por,

$$\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0 \text{ e } \mathbf{R} = \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0$$

em que, $\otimes$ é o produto direto; $\mathbf{A}$ é a matriz $(n \times n)$ de parentesco; $\mathbf{I}$ matriz de indentidade $(n \times n)$; $\mathbf{G}_0$ é a matriz $(q \times q)$ de variância e covariância genética aditiva entre as q características, definida por:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \cdots & \sigma_{a_1 a_q} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma_{a_2}^2 & \cdots & \sigma_{a_2 a_q} \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ \sigma_{a_q a_1} & \sigma_{a_q a_2} & \cdots & \sigma_{a_q}^2 \end{bmatrix},$$

sendo $\sigma_{a_i}^2$ é a variância genética aditiva da i -ésima característica e $\sigma_{a_i a_j}$ é a covariância genética entre as características i e j , com $i = 1, 2, \dots, q$ e $j = 1, 2, \dots, q$; $\mathbf{R}_0$ é a matriz $(q \times q)$ de variância e covariância residual entre as q características, definida por:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} & \cdots & \sigma_{e_1 e_q} \\ \sigma_{e_2 e_1} & \sigma_{e_2}^2 & \cdots & \sigma_{e_2 e_q} \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ \sigma_{e_q e_1} & \sigma_{e_q e_2} & \cdots & \sigma_{e_q}^2 \end{bmatrix},$$

em que $\sigma_{e_i}^2$ é a variância residual da i -ésima característica e $\sigma_{e_i e_j}$ é a covariância residual entre as característica i e j , com $i = 1, 2, \dots, q$ e $j = 1, 2, \dots, q$.

O vetor de observações $\mathbf{y}$, a matriz de incidência de efeitos fixos $\mathbf{X}$, a matriz de incidência de valores genéticos $\mathbf{Z}$ e o vetor de valores genéticos $\mathbf{u}$ apresentam nq linhas mostrando cada observação individual, ou seja, que cada animal produz q equações. Assim, no modelo animal o número de equações a serem resolvidas equivale ao número de animais vezes o número de características (nq). O sistema de equações de modelos misto é idêntico ao sistema (6) levando aos mesmos resultados das equações, sendo a diferença na definição das matrizes multidimensionais.

2.4 Algoritmos

Problemas computacionais para a estimação de componentes de variância envolvem a aplicação de procedimentos iterativos tais como Newton-Raphson e Método de Marquardt, Método de Escore, Metodo Quasi-Newton, Algoritmo EM e Método de aproximações sucessivas. Com relação ao desempenho dos algoritmos algumas das principais

conclusões encontradas na literatura dizem respeito que o método de Newton-Raphson frequentemente converge em poucas iterações, seguido pelo método de Escore e pelo algoritmo EM. A robustez dos métodos para os valores iniciais (ligada a habilidade de convergir dado que foram inseridos valores iniciais ruins) é o inverso da taxa de convergência. O método de AIREML (*Average Information REML*) foi desenvolvido por (GILMOUR et al., 1995; JOHNSON e THOMPSON, 1995; MEYER, 1997) e, desde então, tem sido muito utilizado, sendo bastante competitivo, pois converge normalmente em menos de 10 iterações, tornando o tempo final para a convergência muito menor.

2.4.1 DFREML

O Algoritmo DFREML (*Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*) foi proposto por Smith e Graser (1986) e Graser et al. (1987) considerado inovador em relação aos métodos tradicionais por ser livre de derivadas ou cálculo de esperanças. O método consiste em testar diferentes valores para as matrizes $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$ (σ_e^2 de $\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$ e σ_u^2 de $\mathbf{A}\sigma_u^2$) até encontrar uma combinação que maximize a log verossimilhança relacionada ao conjunto de observações $\mathbf{y}$. Apesar da ideia ser simples sua implementação computacional não é trivial, mas provavelmente é mais fácil que do que abordagens como a EM-REML (*Expectation Maximization REML*) envolvendo derivadas, esperanças e inversas. De forma geral, o método de maximização feito por derivadas consiste no problema de encontrar o máximo de uma função definida por uma equação. Para se resolver por meio do método livre de derivadas (DFREML) um problema como este, procede-se tomando-se valores em x em uma certa amplitude de valores (valores pequenos e valores grandes) e calcula-se o valor da função para o máximo e mínimo do intervalo, diminuindo-se o intervalo entre os valores chegando-se ao ponto em x que retorna ao máximo da função. Para a estimação de componentes de variância a equação a ser maximizada é baseada nas equações de modelos mistos,

$$L(\boldsymbol{\theta}) = -\frac{1}{2} \left\{ \text{const} + \ln|\mathbf{R}| + \ln|\mathbf{G}| + \ln|\mathbf{C}| + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y} \right\}.$$

Desta forma a função é completamente geral sem a especificação de como são as matrizes $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$ para o vetor de observações $\mathbf{y}$. $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$ podem ser simples se corresponderem a uma característica única (problema univariado) ou complicadas com muitas

características (problema multivariado). No caso multicaracterística as estruturas de $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$ tornam-se mais complexas, pesquisar de forma eficiente a combinação de melhores configurações de valores para $\mathbf{R}$ e $\mathbf{G}$ tornam-se mais difíceis.

Na função de log verossimilhança $L(\boldsymbol{\theta})$ a constante pode ser ignorada e maximizar $L(\boldsymbol{\theta})$ é o mesmo que minimizar $-2L(\boldsymbol{\theta})$.

$$-2L(\boldsymbol{\theta}) = \text{const} + \ln|\mathbf{R}| + \ln|\mathbf{G}| + \ln|\mathbf{C}| + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y}.$$

Na expressão a ser minimizada, a constante é ignorada. Para um modelo com efeitos diretos e maternos correlacionados e efeitos de ambiente permanente com p níveis e com componente de variância, σ_p^2 , é,

$$\mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \mathbf{A}\sigma_{am} & \mathbf{0} \\ \mathbf{A}\sigma_{am} & \mathbf{A}\sigma_m^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}_p\sigma_p^2 \end{bmatrix}, \text{então}$$

$$\ln|\mathbf{G}| = 2\ln|\mathbf{A}| + q\ln \begin{vmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{vmatrix} + p\ln(\sigma_p^2)$$

O $\ln|\mathbf{A}|$ é também uma constante mas pode ser computada facilmente como um produto do calculo de $\mathbf{A}^{-1}$ de acordo com as regras de Quass (1976). Neste algoritmo, o vetor $\mathbf{v}$, corresponde a raiz quadrada dos elementos da diagonal do vetor do fator de Choleski de $\mathbf{A}$. $\mathbf{v}_i = \mathbf{l}_{ii}$, isto desde que: $\mathbf{A} = \mathbf{L}'\mathbf{L}$:

$$\ln|\mathbf{A}| = \ln|\mathbf{L}'| + \ln|\mathbf{L}|, \text{ então } \ln|\mathbf{A}| = 2 \sum \ln(\mathbf{l}_{ii}) = 4 \sum \ln(\mathbf{v}_i).$$

Similarmente para análise multicaracterística o $\ln|\mathbf{R}|$ e $\ln|\mathbf{G}|$ não são difíceis de se calcular. A dificuldade no cálculo de $L(\boldsymbol{\theta})$ é obter $\ln|\mathbf{C}|$ e $\mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y}$. A estratégia proposta por Smith e Graser (1986) para o cálculo deste termo foi baseado na eliminação Gaussiana (GE), a qual é frequentemente utilizada para obter soluções para o conjunto de equações que não é este o caso. O método GE consiste de absorção de equações a cada iteração.

A melhorista animal Meyer (1988, 1989, 1991), incorporou as ideias de Smith e Graser (1986) em uma série de notáveis programas DFREML. O método de GE é mais eficiente em termos de memória requerida e tempo de processamento para se obter soluções que os métodos de inversão de matrizes.

2.4.2 AIREML

O Algoritmo AIREML (*Average Information Restricted Maximum Likelihood*) sob o modelo animal $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}$, em que $\mathbf{e}$, $\mathbf{y}$ e $\mathbf{u}$ tem distribuição univariada, $E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $Var(\mathbf{y}) = \mathbf{ZGZ}' = \mathbf{ZAZ}'r + \mathbf{I}$, sendo $r = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_e^2}$, $\mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_a^2$ e $\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$

A função univariada é

$$L(\boldsymbol{\theta}) = -\frac{1}{2}\text{const} + \ln|\mathbf{V}| + \ln|\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}| + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y},$$

sendo $\boldsymbol{\theta}$ o vetor de parâmetros a ser estimado com elementos σ_a e σ_e .

$$\frac{\partial L(\boldsymbol{\theta})}{\partial \sigma_a} = \text{tr} \left(\frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_a} \mathbf{P} \right) - \mathbf{y}' \mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_a} \mathbf{P} \mathbf{y},$$

e

$$\frac{\partial^2 L(\boldsymbol{\theta})}{\partial \sigma_a \partial \sigma_e} = -\frac{1}{2} \left[\text{tr} \left(\mathbf{P} \frac{\partial^2 \mathbf{V}}{\partial \sigma_a \partial \sigma_e} \right) - \text{tr} \left(\mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_a} \mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_e} \right) - \mathbf{y}' \mathbf{P} \left(\frac{\partial^2 \mathbf{V}}{\partial \sigma_a \partial \sigma_e} - 2 \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_a} \mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_e} \right) \mathbf{P} \mathbf{y} \right].$$

A última equação é chamada de informação observada, e tem como esperança matemática:

$$E \left(\frac{\partial^2 L(\boldsymbol{\theta})}{\partial \sigma_a \partial \sigma_e} \right) = -\frac{1}{2} \text{tr} \left(\mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_a} \mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_e} \right).$$

Deste modo, a média entre a informação observada e da esperança (JONHSON e THOMPSON, 1995), é dada por:

$$\mathbf{AI} = \frac{1}{2} \left[\frac{\partial^2 L(\boldsymbol{\theta})}{\partial \sigma_a \partial \sigma_e} + E \left(\frac{\partial^2 L(\boldsymbol{\theta})}{\partial \sigma_a \partial \sigma_e} \right) \right] = -\frac{1}{2} \mathbf{y}' \mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_a} \mathbf{P} \frac{\partial \mathbf{V}}{\partial \sigma_e} \mathbf{P} \mathbf{y}.$$

O algoritmo AIREML (JONHSON E THOMPSON, 1995) calcula o ponto de máximo do logaritmo da função densidade de probabilidade por meio de sucessivas avaliações da função no caso unicaracterística, a partir de valores iniciais atribuídos a $r =$

$\frac{\sigma_a^2}{\sigma_e^2}$, até que ocorra a convergência. Para o caso bi-característica, a maximização da função de verossimilhança é feita a partir de valores iniciais de $\sigma_{a_1}^2$ e $\sigma_{a_2}^2$ (variâncias genéticas aditivas diretas para as características 1 e 2), $\sigma_{a_1a_2}$ (covariâncias genéticas aditivas entre as características 1 e 2), $\sigma_{e_1}^2$ e $\sigma_{e_2}^2$ (variâncias residuais para as características 1 e 2), sendo que, $G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} \\ \sigma_{a_2a_1} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix}$ e $R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} \\ \sigma_{e_2e_1} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$, devem ser positivas definidas, podendo-se generalizar para o caso multicaracterística.

2.5 Teste da Razão de Verossimilhanças

O Teste de Razão de Verossimilhanças (TRV) é um teste estatístico usado para comparar o ajuste de dois modelos, um nulo *versus* um alternativo, sendo o modelo nulo um caso especial do modelo alternativo. O teste é baseado sobre a razão de verossimilhanças, a qual expressa a plausibilidade de um modelo em relação ao outro. Esta razão de verossimilhanças, o equivalente ao seu logaritmo, pode ser usado para o cálculo de um valor- p . Chama-se então esta quantidade de estatística da razão de log-verossimilhanças, a distribuição de probabilidade para esta estatística de teste assumindo que o modelo nulo é verdadeiro, pode ser aproximado usando o teorema de Wilk's. Neste caso distinguir entre dois modelos, cada um com parâmetros desconhecidos, pode ser justificado pelo lema de Neyman-Person, ao qual demonstra que este teste tem alto poder entre todos os concorrentes. O teste verifica se parâmetros adicionais melhoram o ajuste do modelo aos dados.

As hipóteses testadas são:

H_0 : Os ajustes dos modelos comparados não diferem;

H_1 : Os ajustes dos modelos comparados diferem.

A estatística de teste é dada por,

$$TRV = -2\log\left(\frac{L_j}{L_i}\right) = -2[\log(L_i) - \log(L_j)] = -2\log(\Lambda),$$

L_i é a função de verossimilhanças para o modelo i , com o menor número de parâmetros; L_j é a função de verossimilhanças para o modelo j , com maior número de parâmetros.

Se a distribuição da razão verossimilhanças corresponde a uma hipótese nula particular e a hipótese alternativa pode ser explicitamente determinada, então ela pode ser diretamente utilizada para formar regiões de decisão (para aceitar ou rejeitar

a hipótese nula). Em muitos casos, entretanto, a distribuição exata razão de verossimilhanças correspondente a uma específica hipótese é muito difícil de ser determinada. Um resultado conveniente, atribuído a Wilks (1938), que para amostras de tamanho n tendendo para o infinito, a estatística de teste $-2\log(\Lambda)$ para modelos aninhados pode ser assintoticamente distribuídos por uma χ^2 com o número de graus de liberdade igual a diferença de dimensionalidade entre Θ e Θ_0 . Isto significa que para uma grande variedade de hipóteses, um melhorista pode calcular a razão de verossimilhanças (Λ) para os dados e comparar $-2\log(\Lambda)$ com o correspondente valor da distribuição qui-quadrado (χ^2) para uma desejável significância estatística como uma aproximação de um teste estatístico exato.

O valor da estatística de teste é comparado com o quantil de uma distribuição de Qui-Quadrado com grau de liberdade dado pela diferença entre o número de parâmetros inseridos nos modelos. Valores da estatística de teste superiores ao quantil a um nível α de significância rejeita-se H_0 .

2.6 Critério de informação de AKAIKE

A seleção do “melhor” modelo partindo de um conjunto de modelos candidatos pode ser bastante complexa. Pode-se considerar todas as combinações possíveis de termos do modelo completo e de número de parâmetros e utilizar critérios de seleção de modelos baseados na teoria da informação. Para a seleção de modelo, Akaike (1973) desenvolveu uma estimativa da informação K-L, baseada na Função de Log-Verossimilhança em seu ponto de máximo, acrescida de uma penalidade associada ao número de parâmetros do modelo, também conhecido como Critério de informação de AKAIKE (AIC). A informação K-L é uma medida da distância entre o modelo verdadeiro e um modelo candidato. Na realidade este modelo verdadeiro quase sempre é uma abstração. De fato, é desejável a obtenção de um modelo, que represente satisfatoriamente o mecanismo que gerou as observações em questão. Necessita-se de uma medida da distância entre um “bom” modelo e vários modelos candidatos, para ter evidência de um modelo que se destaque. Deste modo, sabendo-se que y_i é o i -ésimo valor da resposta e $\hat{\mu}_i$ é a estimativa de y_i , quando se ajusta um modelo de q parâmetros por meio da maximização da função de log-verossimilhança. O termo que se dá a esta função, chama-se função penalidade, tem a finalidade de corrigir um viés proveniente da comparação de modelos de diferentes números de parâmetros. O

critério AIC pode ser utilizado para comparar modelos com os mesmos efeitos fixos mas diferentes estruturas de variância. O modelo com maior AIC é considerado o melhor. Assim utiliza-se para o cálculo do AIC a seguinte expressão,

$$AIC = \sum_{i=1}^n \log L(\hat{\mu}_i, y_i) - q,$$

em que, q é o número de parâmetros de covariâncias existentes em $\mathbf{G}$ e $\mathbf{R}$.

2.7 Abordagem Bayesiana

A classe dos modelos mistos pode ser analisada por duas abordagens estatísticas: a clássica e a Bayesiana. Em relação à teoria Bayesiana, Broemeling (1985) e Gelman et al. (2003) relatam que a característica essencial está no uso explícito de probabilidades para quantificar as incertezas que se tem sobre um parâmetro em questão. Antes de qualquer observação ser coletada deve-se assumir uma distribuição de probabilidade para os parâmetros desconhecidos do modelo, chamada de distribuição *a priori*, a qual deve representar toda a informação existente sobre estes parâmetros. Após as observações serem obtidas, a informação disponível é combinada, através do teorema de Bayes, com a informação proveniente das observações, que é representada pela função de verossimilhança associada à amostra observada. Esta combinação resulta na distribuição *a posteriori* dos parâmetros desconhecidos que proverá toda a informação sobre estes, após os dados terem sido observados.

O teorema de Bayes é um resultado simples de probabilidade condicional, porém é de importância fundamental na construção da inferência Bayesiana. A expressão matemática do Teorema de Bayes é:

$$P(\theta|Y) = \frac{L(\theta|Y)P(\theta)}{\int L(\theta|Y)P(\theta)d\theta},$$

sendo $Y = y_1, y_2, \dots, y_n$, pode-se escrever este teorema de forma equivalente, já que o denominador não depende de θ , sendo então considerado constante,

$$P(\theta|Y) \propto L(\theta|Y)P(\theta),$$

$\propto$ representa proporcionalidade, e esta última expressão pode ser interpretada como *dis-*

distribuição a posteriori $\propto$ *função de verossimilhança* $\times$ *distribuição a priori* (BOX e TIAO, 1992). Se justifica a presença do símbolo de proporcionalidade da seguinte maneira: quando se multiplica a função de verossimilhança por uma constante não se altera a inferência relativa ao parâmetro θ e, assim, a distribuição a *posteriori* não será alterada.

A fórmula de Bayes requer a especificação de $P(\theta)$ que é conhecida como distribuição a *priori* de θ . É através da especificação de uma distribuição a *priori*, para a quantidade de interesse θ , que se faz uso do conhecimento prévio em inferência Bayesiana. Esse conhecimento prévio sobre o parâmetro que se deseja estimar, antes que as observações tenham sido propriamente coletadas, pode ser obtida através de análises anteriores, experiência do pesquisador na área em questão ou publicações sobre o assunto que se deseja tratar. A partir desta informação, é encontrada a distribuição a *priori* mais adequada para o caso. Há casos em que a *priori* dada é informativa, refletindo algum conhecimento prévio sobre o parâmetro desconhecido. Outras vezes, a *priori* é não-informativa, deixando que as observações mostrem todas as informações sobre θ .

As observações $y_1, \dots, y_n$, representadas por uma amostra aleatória de uma população com densidade f , são utilizados na análise Bayesiana através de uma função de verossimilhança $L(\theta|y_1, \dots, y_n)$, que é a densidade conjunta destas observações. É através da função de verossimilhança que as observações podem modificar o conhecimento que se tem a *priori* sobre θ . Dessa forma, esta pode ser considerada como a representação da informação de θ obtida dos dados, ou seja, esta função pode ser vista como a representação do que os dados têm a contar a respeito do parâmetro θ .

A distribuição a *posteriori* de um parâmetro contém toda a informação probabilística a respeito deste parâmetro e um gráfico da sua função de densidade a *posteriori* é a melhor descrição do processo de inferência e todas as conclusões estão baseadas na distribuição condicional dos parâmetros sobre os dados observados. Toda a inferência com respeito ao parâmetro é feita através da distribuição a *posteriori* destes. A partir de tal distribuição, estima-se o parâmetro através de valores observados da distribuição a *posteriori* tais como média, mediana e moda a *posteriori*. A incerteza com respeito ao parâmetro é descrita através de intervalos de credibilidade obtidos através da distribuição a *posteriori*. A distribuição a *posteriori* incorpora, via Teorema de Bayes, toda a informação disponível sobre o parâmetro, isto é, a informação inicial mais a informação da experiência ou amostra (PAULINO, TURKMAN e MURTEIRA, 2003). Rosa (2002)

afirma que para se inferir com relação a qualquer elemento de θ , a distribuição a *posteriori* conjunta dos parâmetros, $p(\theta|Y)$, deve ser integrada em relação a todos os outros elementos que a constituem. Assim, se o interesse do pesquisador se concentra sobre determinado conjunto de θ , por exemplo, θ_1 , tem-se a necessidade da obtenção da distribuição $p(\theta_1|Y)$, dada por:

$$P(\theta_1|Y) = \int_{\theta \neq \theta_1} P(\theta|Y) d\theta_{\theta \neq \theta_1}.$$

A integração da distribuição conjunta a *posteriori* para a obtenção das marginais geralmente não é analítica, e, portanto, necessita de algoritmos iterativos especializados como o amostrador de Gibbs. A principal restrição da estimação pontual é que quando estimamos um parâmetro por meio de um único valor numérico toda a informação presente na distribuição a *posteriori* é resumida através deste número, sendo importante associar alguma informação sobre o quão precisa é a especificação deste número, por meio do conceito de intervalo de credibilidade (ou intervalo de confiança bayesiano) baseado na distribuição a *posteriori*. O intervalo (a,b) é um intervalo de credibilidade de $100(1 - \theta)\%$ ou nível de credibilidade $(1 - f)$ para o parâmetro de interesse θ . Assim, quanto menor for o tamanho do intervalo mais concentrada é a distribuição do parâmetro, ou seja, o tamanho do intervalo informa sobre a dispersão do parâmetro.

Os métodos de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC) são uma alternativa aos métodos não iterativos em problemas complexos. A ideia é obter uma amostra da distribuição a *posteriori* e calcular estimativas amostrais de características desta distribuição. A diferença é o uso de técnicas de simulação iterativa, baseadas em cadeias de Markov, de modo que os valores gerados não serão mais independentes. Uma cadeia de Markov é um processo estocástico em que a probabilidade de estar em um certo estado em um tempo futuro depende apenas do estado atual do sistema, mas não dos estados em tempos passados. Em outras palavras, em uma cadeia de Markov, dado o estado atual do sistema, o próximo estado é independente do passado (mas poderá depender do estado presente). A ideia básica é simular um passeio aleatório no espaço do parâmetro que converge para uma distribuição estacionária, que é a distribuição de interesse no problema.

O algoritmo Gibbs Sampler ou amostrador de Gibbs é, essencialmente, um esquema iterativo de amostragem de uma cadeia de Markov, cujo núcleo de transição é

formado pelas distribuições condicionais completas. É uma técnica para gerar variáveis aleatórias de uma distribuição marginal sem que se conheça a sua densidade. À medida que o número t de iterações aumenta, a sequência de valores gerados se aproxima da distribuição de equilíbrio, ou seja, da densidade marginal desejada para cada parâmetro, quando se assume que a convergência foi atingida. O algoritmo Gibbs Sampler tem sido extremamente útil na resolução de problemas que envolvem a estimação de mais de um parâmetro, como é o caso do modelo de Cocherhan (1969), porém para utilização desse algoritmo exige-se que as distribuições condicionais a *posteriori* dos parâmetros tenham formas conhecidas, ou seja, que sejam dadas por uma distribuição de probabilidade conhecida, caso a distribuição de probabilidade seja desconhecida utiliza-se o Algoritmo de Metropolis-Hastings. Pode-se resumir o Amostrador de Gibbs da seguinte forma:

- i) Inicialize $\theta^{(0)} = \theta_1^{(0)}, \dots, \theta_s^{(0)}$ e $k = 1$;
- ii) Obtenha um novo valor para $\theta^{(k)}$ a partir de $\theta^{(k-1)}$ através de sucessivas gerações de valores. Para $i = 1, \dots, S$, faça:
Gere um valor para $\theta_i^{(k)}$ de:

$$\theta_i^{(k)} \sim P(\theta_i | \theta_1^{(k)}, \dots, \theta_{i+1}^{(k-1)}, \dots, \theta_s^{(k-1)}, Y).$$

- iii) Faça $k=k+1$ e volte ao passo **II** e repita iterativamente até obter a convergência.

2.7.1 Abordagem Bayesiana no contexto de melhoramento animal

Variáveis com resposta discreta são comuns no melhoramento animal e as mesmas podem ter duas categorias de respostas, classificadas como binária (presença ou ausência) (DEMPSTER e LERNER, 1950). Com mais de duas categorias, em sistemas biológicos, as resposta podem ser ordenados quase que invariavelmente ao longo de algum gradiente hipotético. Melhoristas e estatísticos têm utilizado o modelo *threshold* para relatar uma escala hipotética contínua para uma resposta categórica observada. A variável subjacente é frequentemente chamada “variável latente” (FALCONER, 1965). O modelo que contém respostas contínuas pode ser transformado em discreto por meio de limiares fixos ou intervalos que delimitem as categorias (WRIGHT, 1934; ROBERTSON e LERNER, 1949; DEMPSTER e LERNER, 1950; FALCONER, 1967).

A origem do modelo *threshold* pode ser atribuído a Pearson (1900), Wright (1934), Bliss (1935), Dempster e Lerner (1950). Contribuições metodológicas, foram feitas por uma perspectiva estatística genética por Gianola (1982), Harville e Mee (1984), Gianola e Foulley (1983), Foulley et al. (1987) e Foulley e Manfredi (1991), entre outros. Anderson e Aitkin (1985) relatam que modelos que exigem especificação dos efeitos aleatórios e da função de verossimilhança (ou da distribuição marginal a *posteriori*) não tem distribuição conhecida, sendo necessário utilizar aproximações por quadratura gaussiana em modelos com efeitos aleatórios independentes. Gilmour et al. (1985), e, Lee e Nelder (1996) sugeriram os modelos lineares generalizados mistos, esses métodos podem ser vistos como aproximações do REML e BLUP no contexto de modelos lineares generalizados mistos, muitos dos argumentos sobre o qual estes métodos foram construídos tem natureza assintótica, e sobre amostra finitas as propriedades dos procedimentos são desconhecidas.

Sejam todas as variáveis latentes (ou subjacentes) representadas pelo vetor $\mathbf{l} = l_i (i = 1, 2, \dots, n)$, o i -ésimo indivíduo pode ser representado por:

$$l_i = \mathbf{x}_i' \boldsymbol{\beta} + \mathbf{z}_i' \mathbf{a} + e_i,$$

em que, $\boldsymbol{\beta}$ são os efeitos de locação, $\mathbf{a}$ é um vetor $q \times 1$ de efeitos genéticos aditivos (por vezes com ordem maior que n), e $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$ é um resíduo aleatório. $\mathbf{x}_i'$ e $\mathbf{z}_i'$ são vetores de incidência. Poderá ser assumido que, dado os parâmetros de locação $\boldsymbol{\beta}$ e $\mathbf{a}$, os elementos do vetor $\mathbf{l}$ são condicionalmente independentes e distribuídos por,

$$(\mathbf{l} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \sigma_e^2) \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{I}\sigma_e^2).$$

A variável subjacente é não observável e a parametrização σ_e^2 pode ser adotada a fim de alcançar identificabilidade na função de verossimilhança (COX e SNELL, 1989). Quando inferências são baseadas sobre distribuições a *posteriori* com distribuições a *priori* próprias atribuídas a todos os parâmetros, esta restrição não é tecnicamente requerida (BERNADO e SMITH, 1994).

Dado $\mathbf{y} = y_i (i = 1, 2, \dots, n)$, denotando o vetor de dados categóricos observados. Cada y_i representa uma atribuição de resposta para uma das c categorias mutuamente exclusivas escolhidas de forma mais ou menos arbitrárias. Frequentemente a

análise é subjetiva como na análise de escores de conformação (SORESEN e GIANOLA, 2002). Estas classes resultam para a existência de $c + 1$ hipotéticos *thresholds* na escala subjacente (latente), tais que $t_{min} < t_1 < t_2 < \dots < t_{c-1} < t_{max}$. Um valor de limiar que está entre t_1 e t_2 , é atribuído para a segunda categoria de resposta. Definir os dois limites extremos para $t_0 = t_{min}, t_c = t_{max}$ de modo que o restante $c - 1$ *thresholds* podem assumir algum valor entre t_{min} e t_{max} . Entretanto, um dos *thresholds* podem ser fixados, ou posicionados para o centro da distribuição; uma típica atribuição é $t_1 = 0$. Então a probabilidade condicional que y_i caia na categoria j ($j = 1, 2, \dots, c$), dado $\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{a}$, e $\mathbf{t} = (t_{min}, t_1, \dots, t_{c-1}, t_{max})'$ é dada por,

$$\begin{aligned} P(y_i = j | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}) &= P(t_{j-1} < l_i < t_j | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}) \\ &= \Phi(t_j - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i \mathbf{a}) - \Phi(t_{j-1} - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i \mathbf{a}) \\ &= p(y_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}). \end{aligned}$$

As observações são condicionalmente independentes, dados $\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{a}$, e $\mathbf{t}$. O modelo amostral pode ser escrito por,

$$\begin{aligned} P(\mathbf{y} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}) &= \prod_{i=1}^n \sum_{j=1}^c I(y_i = j) p(y_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}) \\ &= \prod_{i=1}^n \sum_{j=1}^c I(y_i = j) [\Phi(t_j - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i \mathbf{a}) - \Phi(t_{j-1} - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i \mathbf{a})], \end{aligned}$$

sendo $I(y_i = j)$ é uma função indicadora que recebe o valor 1 se a resposta cai na categoria j e 0 para caso contrário.

Adotando a estratégia de construção do modelo hierárquico, a distribuição *priori* pode ser atribuída para $\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{a}$, e $\mathbf{t}$. Assume-se que a distribuição a *priori* depende do parâmetro de dispersão desconhecido σ_a^2 . A densidade da distribuição conjunta a *priori* tem a forma,

$$p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}, \sigma_a^2) = p(\boldsymbol{\beta}) p(\mathbf{a} | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(\mathbf{t}).$$

A densidade a *posteriori* conjunta é,

$$p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}, \sigma_a^2) \propto p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t})p(\boldsymbol{\beta})p(\mathbf{a}|\sigma_a^2)p(\sigma_a^2)p(\mathbf{t}) \\ \times \prod_{i=1}^n \sum_{j=1}^c I(y_i = j)[\Phi(t_j - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i a) - \Phi(t_{j-1} - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i a)].$$

A distribuição condicional completa a *posteriori* dos parâmetros $\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{a}$, $\mathbf{t}$ e σ_a^2 pode ser obtida pela expressão acima. Uma abordagem por meio de algoritmos mais simples consiste em aumentar a distribuição *posteriori* conjunta dos limiares ($\mathbf{l}$) não observados. Se a variável latente são modeladas hierarquicamente como um modelo linear gaussiano para dados observados, esta abordagem produz distribuições condicionais completas que tem uma forma padrão e das quais é fácil de obter amostras. Aumentando a distribuição conjunta com $\mathbf{l}$, a densidade resultante tem a forma,

$$p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{l}, \mathbf{t}, \sigma_a^2) \propto p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{l}, \mathbf{t}, \sigma_a^2)p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{l}, \mathbf{t}, \sigma_a^2) \\ = p(\mathbf{y}|\mathbf{l}, \mathbf{t})p(\sigma_a^2) = p(\mathbf{y}|\mathbf{l}, \mathbf{t})p(\mathbf{l}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a})p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}, \sigma_a^2) \\ = p(\mathbf{y}|\mathbf{l}, \mathbf{t}) \left[\prod_{i=1}^n p(l_i|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}) \right] p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}, \sigma_a^2).$$

A distribuição das observações categóricas, dados os limiares, depende somente dos *thresholds*, e dado $\boldsymbol{\beta}$ e $\mathbf{a}$, os limiares são condicionalmente independentes, seguindo uma distribuição normal. Considerando o i -ésimo elemento para o primeiro termo da expressão acima temos,

$$P(y_i = j|l_i, t_{j-1}, t_j) = \begin{cases} 1, & \text{set } t_{j-1} < l_i \leq t_j \\ 0, & \text{caso contrario} \end{cases}$$

Esta é a probabilidade que uma determinada observação caia em uma determinada categoria, dados os valores de limiares e *threshold* serem completamente especificados. Isto significa que $p(\mathbf{y}|\mathbf{t})$ é uma distribuição degenerada. De acordo com a notação de Albert e Chib (1993), $p(\mathbf{y}|\mathbf{l}, \mathbf{t})$ pode ser escrita como,

$$p(\mathbf{y}|\mathbf{l}, \mathbf{t}) = \prod_{i=1}^n \left[\sum_{j=1}^c I(t_{j-1} < l_i \leq t_j) I(y_i = j) \right].$$

A distribuição a *priori* do vetor $\boldsymbol{\beta}$ deve ser especificado criteriosamente. É

bem estabelecido que as estruturas de dados com um pequeno número de observações (ou, em casos extremos, quando todas as observações pertencem a uma categoria particular) por elemento ou nível de β , pode conduzir a inferências pobres. Misztal et al. (1989) tem chamado este tipo de situação de “o problema da categoria extrema” (ECP). O problema é relacionado ao fato que quando todas as observações para um parâmetro de locação estão em uma das categorias extremas, a estimativa de máxima verossimilhança que corresponde ao parâmetro não é finita. No modelo probit com um parâmetro de locação, se todas as observações são 0's, a estimativa de probabilidade de máxima verossimilhança da resposta é 0. A estimativa de máxima verossimilhança do parâmetro na escala de limiar é infinita. No contexto de estrutura hierárquica, este problema se propaga para outras camadas do modelo. Quando há ECP para alguns elementos de β e quando a distribuição *a priori* é uniforme, a inferência bayesiana, atribuída para estes vetores, via Método de Monte Carlo por Cadeias de Markov sobre σ_a^2 pode ser distorcidos (HOESCHELE e TIER, 1995; MORENO et al., 1997). Algumas abordagens têm sido sugeridas na literatura para resolver satisfatoriamente este tipo de problema, uma delas foi propostas por Kadarmideen et al. (2002), particionando o vetor β como

$$\beta = (\beta'_h, \beta'_r)',$$

com a partição correspondente da matriz de incidência,

$$\mathbf{X} = [\mathbf{X}_h, \mathbf{X}_r]$$

$\beta_h(H \times 1)$ contém elementos conhecidos de β que tem observações com ECPs e β_r contém elementos de β com os dados bem estruturados. Então, a distorção dos efeitos de ECPs sobre as inferências podem ser corrigidos, assumindo que o vetor β_h segue uma distribuição *a priori* normal com média não nula. Uma possibilidade é atribuir,

$$\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2 \sim N(\mathbf{1}\beta, I_h \sigma_{\beta_h}^2).$$

sendo, $\mathbf{1}$ é um vetor unitário, β é um escalar comum para todos os elementos de β_h , e $\sigma_{\beta_h}^2$ é um parâmetro de dispersão desconhecido. Para β_r pode-se assumir uma distribuição normal vaga com média zero e variância ampla conhecida, deste modo, todos os elementos

de β_r são mutualmente independentes, pode-se adotar,

$$\beta_r \sim N(\mathbf{0}, I_r 10^6).$$

Assumindo-se independência *a priori* entre β_h e β_r , a distribuição *a priori* de β tem densidade,

$$p(\beta) = p(\beta_h | \beta, \sigma_h^2) p(\beta_r),$$

β pode-se assumir seguir uma distribuição uniforme,

$$\beta | \beta_{min}, \beta_{max} \sim U_n(\beta_{min}, \beta_{max}),$$

sendo, β_{min} e β_{max} são escolhidos apropriadamente. A distribuição *a priori* para $\sigma_{\beta_h}^2$ é uma qui-quadrado escalonada invertida com parâmetros conhecidos ν_β e S_β , com densidade,

$$p(\sigma_{\beta_h}^2 | \nu_{\beta_h}, S_{\beta_h}) \propto (\sigma_{\beta_h}^2)^{-\left(\frac{\nu_{\beta_h}}{2} + 1\right)} \exp\left(-\frac{\nu_{\beta_h} S_{\beta_h}}{2\sigma_{\beta_h}^2}\right).$$

A distribuição *a priori* para os limiares surge naturalmente a partir dos pressupostos do modelo. Esse modelo postula que os limiares são ordenados, por isso é sensato assumir que estes são estatísticas de ordem de uma distribuição uniforme no intervalo $[t_{min}, t_{max}]$. Assumindo que $t_1 = 0$, há $c - 2$ thresholds, portanto, a densidade conjunta *a priori* para $\mathbf{t}$ (MOOD et al., 1974)

$$p(\mathbf{t}) = (c - 2)! \left(\frac{1}{t_{min} - t_{max}} \right)^{c-2} I(\mathbf{t} \in \mathbf{T}),$$

sendo, $\mathbf{T} = (t_1 = 0, t_2, \dots, t_{c-1}) | t_{min} < t_1 < t_2 < \dots < t_{c-1} < t_{max}$.

O vetor $\mathbf{a}$ consiste de efeitos genéticos aditivos (o que implica que a variância genética é devido contribuições aditivas e independentes do maior número de loci com pequenos efeitos de substituição alélica. Uma distribuição *a priori* pode ser,

$$\mathbf{a} | \mathbf{A}, \sigma_a^2 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A} \sigma_a^2),$$

sendo σ_a^2 é a variância genética aditiva e $\mathbf{A}$ é a matriz de relacionamento aditiva. Pode-

se assumir que a variância genética aditiva é distribuída por uma *priori* qui-quadrada escalonada invertida com densidade,

$$p(\sigma_a^2 | \nu_a, S_a) \propto (\sigma^2)^{-\left(\frac{\nu_a}{2} + 1\right)} \exp\left(-\frac{\nu_a S_a}{2\sigma_a^2}\right),$$

e ν_a , S_a são hiperparâmetros. A distribuição a *priori* conjunta incluindo a variável subjacente pode ser decomposta por,

$$\begin{aligned} p(\mathbf{l}, \tilde{\beta}, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{t}, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2 | y) &\sim p(\mathbf{y} | \mathbf{l}, \mathbf{t}) p(\mathbf{l}) \\ &\times \left[\prod_n^{i=1} p(l_i | \tilde{\beta}, \mathbf{a}) \right] p(\beta_h | \boldsymbol{\beta}, \sigma_h^2) p(\beta_r) p(\mathbf{a} | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(\sigma_{\beta_h}^2). \end{aligned}$$

2.7.2 Distribuição *posteriori* condicional completa

A distribuição *posteriori* condicional completa do parâmetro θ pode ser representada por $P(\theta | todos)$ sendo que *todos* refere-se as observações $\mathbf{y}$ e aos parâmetros a que θ depende. Considere primeiro que a distribuição condicional completa da variável na escala subjacente l_i . Deve-se extrair os termos envolvendo a variável subjacente a partir da distribuição *posteriori* conjunta, as variáveis subjacentes são condicionalmente independentes, segue-se que, dados os parâmetros e os valores na escala subjacente (l_i), as observações categóricas são independentes assim como,

$$P(l_i | todos) \propto P(y_i = j | l_i, \mathbf{t}) p(l_i | \tilde{\beta}, \mathbf{a}).$$

Dado os valores na escala subjacente e os limiares, o resultado categórico não é estocástico, pois o seu valor será conhecido com certeza. Consequentemente, $P(y_i = j | l_i, \mathbf{t})$ é uma constante que é absorvida na formula de Bayes, assim,

$$P(l_i | todos) \propto \left[\sum_{i=1}^c I(t_{j-1} < l_i \leq t_j) I(y_i = j) | \tilde{\beta}, \mathbf{a} \right],$$

sendo, $I(t_{j-1} < l_i \leq t_j) I(y_i = j)$ indica que o valor na escala subjacente pertence ao intervalo $t_{j-1} < l_i \leq t_j$ se $y_i = j$. Desde que a variável latente seja uma variável aleatória que segue uma distribuição normal, tem-se,

$$P(l_i | todos) = \frac{\phi(x'_i + z'_i \mathbf{a}, 1)}{\Phi(t_j - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i \mathbf{a}) \Phi(t_{j-1} - x'_i \boldsymbol{\beta} - z'_i \mathbf{a})}.$$

A distribuição *posteriori* condicional completa do i -ésimo threshold t_i , é,

$$P(t_i|todos) \propto P(y|l, t)p(t) \\ \propto \prod_{j=1}^N [I(t_{i-1} < l_j < t_i)I(y_j = i) + I(t_i < l_j < t_{i+1})I(y_j = i + 1)].$$

Considere o limiar t_2 , ele conecta a resposta na escala subjacente com a segunda categoria (em que o limiar é um limite superior) ou na terceira categoria (em que o limiar é um limite inferior da terceira categoria). Na equação acima, tem-se que t_i está em um intervalo cujos limites são: o limite superior deve ser menor ou igual ao menor valor de $\mathbf{l}$ para que $y_j = i + 1$. O limite inferior é dado pelo valor máximo de $\mathbf{l}$ para que $y_j = i$. A condição prévia ($t \in T$) é atendida automaticamente. Dentro desses limites, a distribuição condicional a *posteriori* do limiar t_i é um processo uniforme

$$P(t_i|todos) = \frac{1}{\min(\mathbf{l}|y = i + 1) - \max(\mathbf{l}|y = i)},$$

sendo, $\min(\mathbf{l}|y = i + 1)$ indicando que o valor mínimo dos limiares dentro das observações na categoria $i + 1$, de forma similar, $\max(\mathbf{l}|y = i)$ denota o máximo valor da variável na escala subjacente para observações estarem na categoria i . O intervalo

$$\min(\mathbf{l}|y = i + 1) - \max(\mathbf{l}|y = i),$$

é tipicamente muito estreito e com poucas variações entre as sucessivas iterações do amostrador de Gibbs. Isto leva a forte autocorrelação entre as amostras gerando baixa convergência. Cowles (1996) e Nandram e Chen (1996) propuseram algoritmos alternativos para amenizar as dificuldades.

2.7.3 Variância genética aditiva

A distribuição *posteriori* condicional completa de σ_a^2 é,

$$p(\sigma_a^2|todos) \propto p(\mathbf{a}|\sigma_a^2)p(\sigma_a^2).$$

sendo essa igual a expressão para uma distribuição condicional a *posteriori* de σ_a^2 de um modelo unicaracterística genético aditivo, assim,

$$\sigma_a^2 | todos \sim (\mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} + \nu_a S_a) \chi_{\nu_a + q}^{-2},$$

em que, $\sigma_{\beta_h}^2$ é um parâmetro de dispersão descrevendo a variabilidade entre os níveis dos efeitos que contém (possivelmente) ECP's. A distribuição condicional completa a *posteriori* de $\sigma_{\beta_h}^2$ é

$$p(\sigma_{\beta_h}^2 | todos) \propto p(\beta_h | \boldsymbol{\beta}, \sigma_{\beta_h}^2) p(\sigma_{\beta_h}^2),$$

sendo esta a mesma forma da densidade da distribuição condicional da variância genética aditiva, a diferença é que a média da *priori* de cada um dos elementos de β_h é β , em vez de 0. Fazendo este deslocamento para a média ser não nula, tem-se a distribuição qui-quadrada escalonada invertida.

$$\sigma_{\beta_h}^2 | todos \propto [(\beta_h - \mathbf{1}\beta)'(\beta_h - \mathbf{1}\beta) + \nu_{\beta} S_{\beta}] \chi_{\nu_{\beta_h} + H}^{-2},$$

sendo H o número de elementos em β_h .

A distribuição condicional de $[\beta, a]$ é obtida da expressão $p(\tilde{\beta}, \beta, a, \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, l, t, |y)$, extraíndo os termos que contém apenas $[\beta, a]$ tem-se,

$$\begin{aligned} p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a} | \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l} | \mathbf{y}) &\propto \left[\prod_{j=1}^n p(l_j | \beta, a) \right] p(\beta_h | \boldsymbol{\beta}, \sigma_{\beta_h}^2) p(\beta_r) p(\mathbf{a} | \sigma_a^2) \\ &\propto p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a} | \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}). \end{aligned}$$

Dados os valores na escala subjacente, as respostas categóricas y não trazem nenhuma informação adicional sobre os efeitos de locação. A expressão acima tem forma similar ao modelo linear genético aditivo, exceto pelo termo $\mathbf{l}$ que é substituído por $\mathbf{y}$, esta expressão é a densidade da distribuição *posteriori* conjunta dos efeitos de locação em um modelo hierárquico normal. De forma direta a distribuição condicional completa a *posteriori* é,

$$[\beta_h | \beta_r, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}, \mathbf{y}] \sim N \left(\hat{\beta}_h, \left[X_h' X_h + \frac{1}{\sigma_{\beta_h}^2} I_h \right]^{-1} \right),$$

sendo,

$$\hat{\beta}_h = \left[X'_h X_h + \frac{1}{\sigma_{\beta_h}^2} I_h \right]^{-1} \left[X'_h (l - X_r \beta_r - \mathbf{Z}\mathbf{a}) + 1 \frac{\beta}{\sigma_{\beta_h}^2} \right]$$

e

$$[\beta_r | \beta_h, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}, \mathbf{y}] \sim N(\hat{\beta}_r, [X'_r X_r + 10^{-6} I_r]^{-1}),$$

sendo

$$\hat{\beta}_h = \left[X'_h X_h + \frac{1}{\sigma_{\beta_h}^2} I_h \right]^{-1} \left[X'_h (l - X_r \beta_r - \mathbf{Z}\mathbf{a}) + 1 \frac{\beta}{\sigma_{\beta_h}^2} \right],$$

além disso,

$$[\beta_r | \beta_h, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}, \mathbf{y}] \sim N(\hat{\beta}_r, [X'_r X_r + 10^{-6} I_r]^{-1}),$$

em que,

$$\hat{\beta}_r = [X'_r X_r + \frac{1}{10^6} I_r]^{-1} X'_r (l - X_h \beta_h - \mathbf{Z}\mathbf{a}).$$

Para efeitos genéticos aditivos,

$$[\mathbf{a} | \beta_h, \beta_r, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}, \mathbf{y}] \sim N \left(\hat{\mathbf{a}}, \left[\mathbf{Z}' \mathbf{Z} + \frac{1}{\sigma_a^2} \mathbf{A}^{-1} \right]^{-1} \right),$$

em que

$$\hat{\mathbf{a}} = \left[\mathbf{Z}' \mathbf{Z} + \frac{1}{\sigma_a^2} \mathbf{A}^{-1} \right]^{-1} \mathbf{Z}' (l - X_r \beta_r - X_h \beta_h).$$

Sorensen e Gianola (2002) afirmam que o amostrador de Gibbs pode ser adaptado de forma eficiente (também do ponto de vista computacional) para um modelo hierárquico normal. A densidade da distribuição condicional completa a *posteriori* de β

é,

$$\begin{aligned} p(\boldsymbol{\beta}|\tilde{\boldsymbol{\beta}}, \mathbf{a}, \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \mathbf{t}, \mathbf{l}, \mathbf{y}) &\propto p(\beta_h|\boldsymbol{\beta}, \sigma_{\beta_h}^2) \\ &\propto \exp \left[-\frac{1}{2\sigma_{\beta_h}^2} (\beta_h - \mathbf{1}\boldsymbol{\beta})' (\beta_h - \mathbf{1}\boldsymbol{\beta}) \right]. \end{aligned}$$

sendo esta função a densidade da distribuição normal de $\boldsymbol{\beta}$

$$[\boldsymbol{\beta}|\tilde{\boldsymbol{\beta}}, \mathbf{a}, \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \mathbf{t}, \mathbf{l}, \mathbf{y}] \sim N \left(\bar{\beta}_h, \frac{\sigma_{\beta_h}^2}{H} \right),$$

sendo,

$$\bar{\beta}_h = \frac{1}{H} \sum_{i=1}^H \beta_{h_i},$$

em que, β_{h_i} é o i -ésimo elemento de β_h .

2.7.4 Amostrador de Gibbs

O amostrador de Gibbs para este modelo pode ser resumido nos seguintes passos:

1. Ler os dados e amostrar os valores da escala subjacente de uma densidade normal truncada conforme a expressão $P(l|todos)$.
2. Amostrar os limiares da distribuição uniforme $P(t_i|todos)$
3. Amostrar a variância genética aditiva da distribuição qui-quadrada escalonada invertida $\sigma_a^2|todos$.
4. Amostrar $\sigma_{\beta_h}^2$ da distribuição qui-quadrada escalonada invertida $P(\beta, a|\sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \beta, l, y)$.
5. Construir as equações de modelos mistos e utilize $\mathbf{l}$ como os dados.
6. Amostrar os parâmetros de escala da distribuição normal $([\beta_h|\beta_r, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}, \mathbf{y}], [\beta_r|\beta_h, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}, \mathbf{y}], [\mathbf{a}|\beta_h, \beta_r, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{l}, \mathbf{y}])$.
7. Amostrar β da distribuição normal $([\boldsymbol{\beta}|\tilde{\boldsymbol{\beta}}, \mathbf{a}, \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \mathbf{t}, \mathbf{l}, \mathbf{y}])$.

8. Retornar ao passo 1 ou terminar quando o tamanho da cadeia é adequado para atender os diagnósticos de convergência.

2.7.5 Análise conjunta de uma característica categórica e uma característica normalmente distribuída

Este tipo de abordagem pode ser relevante para estudo de associações genéticas entre características de crescimento e características de musculosidade. Foulley et al. (1983) foi quem introduziu e sugeriu uma abordagem Bayesiana. Sorensen e Gianola (2002) abordam esta metodologia acomodando o caso em que uma das variáveis tem valores faltantes. Nesse contexto os trabalhos de Sorensen (1996) e Wang et al. (1997) utilizam MCMC bayesianos. De forma mais geral Van Tassel et al. (1998) incorporaram várias características categóricas a características normais.

Segundo Foulley et al. (1983) e Sorensen e Gianola (2002) pode-se definir n indivíduos, cada um desses mensurado para duas características, uma contínua e outra categórica, entretanto é possível que para determinado indivíduo apenas uma característica seja mensurada. Neste caso o índice 1 refere-se a característica contínua, o índice 2 a característica categórica, e o subíndice 0 a característica observada e o subíndice m a característica com valores não observados. Os valores das características e da característica categórica são respectivamente dados por $y'_1 = (y'_{1o}, y'_{1m})$ e $y'_2 = (y'_{2o}, y'_{2m})$ de dimensões n cada um dos vetores.

Como no caso univariado l é de dimensão $n \times 1$ e representa os dados categóricos na escala subjacente e também pode ser particionado na seguinte notação $l' = (l'_o, l'_m)$. Assume-se que o com todos os dados contínuos e todos os valores na escala subjacente $(y'_1, l') = (y'_{1o}, y'_{1m}, l')$ é distribuído normalmente, com vetor de parâmetros $\beta = (\beta'_1, \beta'_2)$ e $\mathbf{a} = (a'_1, a'_2)$, sendo $\mathbf{a}$ o vetor de efeitos genéticos aditivos para as 2 características, a_1 e a_2 de dimensão $q \times 1$.

O vetor $\mathbf{v}$ com distribuição condicional dos dados contínuos tem a forma

$$\mathbf{v} | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{R}_e \sim \mathbf{N} \left(\begin{bmatrix} X_1 \beta_1 + Z_1 a_1 \\ X_2 \beta_2 + Z_2 a_2 \end{bmatrix}, \mathbf{R} \right) \quad (37)$$

sendo x'_s e z'_s matrizes de ordem apropriada, $R = R_e \otimes I_n$, R_e é uma matriz de variância

e covariância 2×2 .

$$R_e = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e12}^2 \\ \sigma_{e12}^2 & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix} \quad (38)$$

A densidade associada com $\mathbf{v}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{R}_e$ pode ser escrita como

$$P(\mathbf{v}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{R}_e) \propto |\mathbf{R}_e|^{-\frac{n}{2}} \exp \left[-\frac{1}{2} \text{tr}(\mathbf{R}_e^{-1} \mathbf{S}_e) \right] \quad (39)$$

aqui,

$$S_e = \begin{bmatrix} e_1' e_1 & e_1' e_2 \\ e_2' e_1 & e_2' e_2 \end{bmatrix}$$

é a matriz de soma de quadrados e produtos envolvendo os resíduos.

$$e_1 = y_1 - X_1 \beta_1 - Z_1 a_1$$

$$e_2 = l - X_2 \beta_2 - Z_2 a_2$$

Baseando sobre a suposição do modelo infinitesimal, a distribuição *a priori* de $[a_1, a_2|A, G_o]$ é dada por um processo normal multivariado.

$$\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} | \mathbf{A}, \mathbf{G}_o \sim \mathbf{N} \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \mathbf{G}_o \otimes \mathbf{A} \right), \quad (40)$$

sendo

$$G_o = \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a12} & \sigma_{a2}^2 \end{bmatrix},$$

em que $\mathbf{G}_o$ é a matriz de varância genética entre as duas características, e $\mathbf{A}$ é a matriz de relacionamento $q \times q$ entre os membros de uma família ($q > n$).

O vetor $\boldsymbol{\beta}$ pode ser estendendo para comportar extremos (ECP) para car-

acterísticas categóricas e a situação bivariada.

$$\beta = \begin{bmatrix} \beta_{1h} \\ \beta_{1r} \\ \beta_{2h} \\ \beta_{2r} \end{bmatrix},$$

sendo que β_{2h} são efeitos de locação sobre valores na escala subjacente que tem possibilidade de ECPs. O valor de β_{1h} contém os efeitos destes níveis sobre as características normais. Assume-se que a distribuição *a priori* de β é tal que a densidade decomposta como,

$$P(\beta) = P(\beta_{1h}, \beta_{2h}) P(\beta_{1r}) P(\beta_{2r}),$$

sendo,

$$P(\beta_{1r}) \propto \text{constante}.$$

Se $\beta_{1r,min} < \beta_{1r} < \beta_{1r,max}$ e

$$\beta_{2r} \sim N(0, I_{2r}10^6)$$

$$\begin{bmatrix} \beta_{1r} \\ \beta_{2r} \end{bmatrix} | \beta, \beta_h \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 1\beta \end{bmatrix}, \beta_h \otimes I \right), \quad (41)$$

sendo que,

$$\beta_h = \begin{bmatrix} \sigma_{\beta_{1,h}}^2 & \sigma_{\beta_{12,h}} \\ \sigma_{\beta_{12,h}} & \sigma_{\beta_{2,h}}^2 \end{bmatrix},$$

em que, $\sigma_{\beta_{1,h}}^2$ e $\sigma_{\beta_{2,h}}^2$ são componentes de variância e $\sigma_{\beta_{12,h}}$ é a covariância entre $\beta_{1,h}$ e $\beta_{2,h}$ das duas características. Ao parâmetro β é atribuído uma uniforme

$$\beta | \beta_{min}, \beta_{max} \sim U(\beta | \beta_{min}, \beta_{max}), \quad (42)$$

sendo que, β_{min} e β_{max} são escolhidas como hiperparâmetros.

Assume-se que as matrizes $\mathbf{R}_e$, $\mathbf{G}_o$ e β_h , seguem uma distribuição Wishart escalonada invertida como a distribuição *a priori*.

As respectivas densidades são

$$P(\mathbf{R}_e|\nu_e, \mathbf{V}_e) \propto |\mathbf{R}_e|^{-\frac{1}{2}(\nu_e+3)} \exp \left[-\frac{1}{2} \text{tr} (\mathbf{R}_e^{-1} \mathbf{V}_e^{-1}) \right], \quad (43)$$

$$P(\mathbf{G}_o|\nu_o, \mathbf{V}_o) \propto |\mathbf{G}_o|^{-\frac{1}{2}(\nu_o+3)} \exp \left[-\frac{1}{2} \text{tr} (\mathbf{G}_o^{-1} \mathbf{V}_o^{-1}) \right], \quad (44)$$

e

$$P(\beta_h|\nu_h, \mathbf{V}_h) \propto |\beta_h|^{-\frac{1}{2}(\nu_h+3)} \exp \left[-\frac{1}{2} \text{tr} (\beta_h^{-1} \mathbf{V}_h^{-1}) \right],$$

sendo, ν_i e $\mathbf{V}_i$ ($i = e, o, h$) são parâmetros usuais da distribuição escalonada Wishart invertida.

Os limiares são conhecidos em $\mathbf{t}$, delimitam as c categorias de resposta. São assumidos serem distribuídos *a priori* como estatísticas de ordem para uma distribuição uniforme no intervalo $[t_{min}, t_{max}]$.

O vetor de parâmetros possui dado faltantes por meio da característica contínua ($\mathbf{y}_{1m}$) e com valores na escala subjacente não observada $\mathbf{l}$. Os parâmetros do modelo aumentado são representados como $(\Omega, \mathbf{y}_{1m}$ e $\mathbf{l})$

$$\Omega = (\beta, \mathbf{a}, \mathbf{G}_o, \mathbf{R}_e, \beta, \beta_h, \mathbf{t}).$$

Na distribuição $[\mathbf{y}_{2o}|\mathbf{l}_o, \Omega]$, dados os valores na escala subjetiva, l_i e os limiares, as respostas categóricas $\mathbf{y}_{2o}$ são conhecidas. Dessa forma dado que $(\Omega, \mathbf{y}_{1m}|\mathbf{l})$ são os parâmetros do modelo, as observações $\mathbf{y}_{1o}$, $(\mathbf{y}_{1m})$ e $\mathbf{y}_{2o}$ são condicionalmente independentes. Ignorando os hiperparâmetros na notação, a densidade *a posteriori* conjunta de todos os parâmetros desconhecidos no modelo é

$$\begin{aligned} P(\Omega, y_{1m}, \mathbf{l}|\mathbf{y}_{1o}, \mathbf{y}_{2o}) &\propto P(\mathbf{y}_{1o}, \mathbf{y}_{2o}|\Omega, \mathbf{y}_{1m}, \mathbf{l}) P(\Omega, \mathbf{y}_{1m}, \mathbf{l}) \\ &\propto P(\mathbf{y}_{2o}|\mathbf{y}_{1o}, \Omega, \mathbf{y}_{1m}, \mathbf{l}) P(\mathbf{y}_{1o}|\Omega, \mathbf{y}_{1m}, \mathbf{l}) P(\Omega, \mathbf{y}_{1m}, \mathbf{l}) \\ &\propto P(\mathbf{y}_{2o}|\mathbf{y}_1, \Omega, \mathbf{l}) P(\mathbf{y}_1, \mathbf{l}|\Omega) P(\Omega) \\ &\propto P(\mathbf{y}_1, \mathbf{l}|\Omega) P(\mathbf{y}_{2o}|\mathbf{l}, \Omega) P(\Omega), \end{aligned} \quad (45)$$

pela última linha da expressão acima, $\mathbf{y}_1$ e $\mathbf{y}_{2\mathbf{o}}$, dado $\mathbf{l}$ e $\mathbf{t}$ são distribuições condicionais independentes. Nesta mesma última linha, temos que o primeiro termo do lado direito da expressão é a densidade do modelo amostral para os dados contínuos completos. O segundo termo não é estocástico, (pois dado $\mathbf{t}$ e $\mathbf{l}$, conhece-se a categoria da resposta), sendo absorvido como constante no teorema de Bayes. O terceiro termo é a densidade da distribuição *priori* conjunta dos parâmetros a qual pode ser decomposta em

$$P(\Omega) \propto P(\beta_{1h}, \beta_{2h} | \beta, \beta_h) P(\beta_{2r}) P(\mathbf{a} | \mathbf{G}_o) P(\mathbf{G}_o) P(\mathbf{R}_e) P(\beta_h) P(\mathbf{t}). \quad (46)$$

Condicional a Ω pode-se simplificar a notação

$$P(\mathbf{y}_1, \mathbf{l} | \Omega) = P(\mathbf{y}_1, \mathbf{l} | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{R}_e)$$

$$P(\mathbf{y}_{1o} | \mathbf{l}, \Omega) = P(\mathbf{y}_{2o} | \mathbf{l}, \mathbf{t}).$$

Sorensen e Gianola (2002) comentam que se a distribuição a *priori* da matriz de variância e covariância amostral for uma distribuição Wishart invertida, então σ_e^2 (variância residual da escala subjacente) deve ser aleatória, não sendo fixada em um valor.

Assumindo σ_e^2 como variável aleatória requer a parametrização de tal modo que existem 2 limiares, em vez de somente um, valor dado arbitrariamente, satisfazendo a condição $t_{min} < t_1 < t_2 < \dots < t_{c-1} < t_{max}$ (SORESEN et al., 1995) adota-se $t_1 = 0$ e $t_2 = 1$.

2.7.6 Distribuição *posteriori* condicional completa no contexto de melhoramento animal

A distribuição a *posteriori* condicional completa do parâmetro θ pode ser escrita como $p(\theta | todos)$, sendo que $y = (y_{1o}, y_{2o})$. O ponto de início para derivar a distribuição condicional completa a *posteriori* dos dados faltantes (y_{1m}, l)

Tabela 1 - Esquematização dos tipos de dados			
Caso	Dados observados	Dados faltantes	Gerado
1	$y_{1o,i}, y_{2o,1}$	nenhum	$l_{o,i}$
2	$y_{1o,i}$	característica z	$l_{m,1}$
3	$y_{2o,i}$	característica 1	y_{im}, l_{o1}

No primeiro caso (Tabela 1), a distribuição condicional completa de $l_{o,i}$, para a densidade a *posteriori* conjunta apresentada $P(\Omega, y_{1m}, l_1 | y_{1o}, y_{2o})$ e as suposições de independência condicional, têm-se

$$P(l_{o,i} | todos) \propto P(y_{1o,i}, l_{o,i} | \Omega) P(y_{2o,i}, l_{o,i} | \Omega),$$

$$\propto P(l_{o,i} | y_{1o,i}, \Omega) \left[\sum_{j=1}^c I(t_{j-1} < l_{o,i} \leq t_j) I(y_{2o,i} = j) \right].$$

A média da distribuição não truncada

$$E(l_{o,i} | y_{1o,i}, \Omega) = \mathbf{x}'_{2,i} \beta_2 + \mathbf{z}'_{2,i} \mathbf{a}_2 + \frac{\sigma_{e1,2}}{\sigma_{e1}^2} (\mathbf{y}_{1o,i} - \mathbf{x}'_{1,i} \beta_1 - \mathbf{z}'_{1,i} \mathbf{a}_1), \quad (47)$$

e a variância é

$$Var(l_{o,i} | y_{1o,i}, \Omega) = \sigma_{e2}^2 \left(1 - \frac{(\sigma_{e1,2})^2}{\sigma_{e1}^2 \sigma_{e2}^2} \right). \quad (48)$$

em que $\sigma_{e2}^2 = 1$.

A forma de amostragem da distribuição com esta densidade é primeiro realizar valores para $l_{o,i}^*$ para a distribuição normal $[l_{o,i} | \Omega]$ truncado entre t_{j-1} e t_j e segundo, obter amostras $y_{1m,i}$ da distribuição condicional normal $[y_{1m,i} | l_{o,i}^*, \Omega]$. Sendo um processo de independência condicional em que é necessário seguir passo a passo, observação por observação.

A distribuição condicional *posteriori* completa $\boldsymbol{\theta}' = (\boldsymbol{\beta}', \mathbf{a}')$, e subsequentemente um escalar de β , sendo que $P(y_{2o} | \mathbf{l}, \Omega)$ não é função de $\boldsymbol{\theta}$.

$$P(\boldsymbol{\theta} | todos) \propto P(\mathbf{y}_1, \mathbf{l} | \Omega) P(\Omega)$$

$$= P(\mathbf{y}_1, \mathbf{l}, \boldsymbol{\theta}, \beta, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_e, \mathbf{B}_h, \mathbf{t})$$

$$\propto P(\boldsymbol{\theta} | \mathbf{y}_1, \mathbf{l}, \beta, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_e, \mathbf{B}_h). \quad (49)$$

Esta função é a densidade de um modelo hierarquico bivariado na qual têm-se respostas contínuas e valores na escala subjacente. A distribuição condição a *posteriori* dos parâmetros de vetor $\boldsymbol{\theta}$ são provenientes de uma distribuição normal multivariada.

Considerando a distribuição condicional completa de β e $\mathbf{a}$ têm-se

$$\mathbf{G}_{\mathbf{o}}^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g_{21} & g^{22} \end{bmatrix},$$

$$\mathbf{R}_{\mathbf{e}}^{-1} = \begin{bmatrix} r^{11} & r^{12} \\ r_{21} & r^{22} \end{bmatrix},$$

e

$$\mathbf{B}_{\mathbf{h}}^{-1} = \begin{bmatrix} b^{11} & b^{12} \\ b_{21} & b^{22} \end{bmatrix}.$$

Então

$$[\beta|todos] \sim N\left(\hat{\beta}, \hat{V}_{\beta}\right), \quad (50)$$

sendo o vetor de médias o seguinte

$$\hat{\beta} = \begin{bmatrix} \hat{\beta}_{1h} \\ \hat{\beta}_{2h} \\ \hat{\beta}_{1r} \\ \hat{\beta}_{2r} \end{bmatrix},$$

A representação do vetor de médias é obtida pela da matriz de incidência para β como

$$\mathbf{X} = \begin{bmatrix} x_{1h} & 0 & x_{1r} & 0 \\ 0 & x_{2h} & 0 & x_{2h} \end{bmatrix}.$$

Com esta notação

$$\hat{\beta} = \left[\mathbf{X}' (\mathbf{R}_e^{-1} \otimes \mathbf{I}_n) \mathbf{X} + \mathbf{P}^{-1} \right]^{-1} \left[\mathbf{X}' (\mathbf{R}_e^{-1} \otimes \mathbf{I}_n) (\mathbf{v} - \mathbf{Za}) + \mathbf{m} \right],$$

sendo

$$\mathbf{B}_h^{-1} = \begin{bmatrix} z_1 & 0 \\ 0 & z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix},$$

$$P^{-1} = \begin{bmatrix} b^{11}\mathbf{I} & b^{12}\mathbf{I} & 0 & 0 \\ b_{21}\mathbf{I} & b^{22}\mathbf{I} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 10^{-6}\mathbf{I} \end{bmatrix},$$

$$m = P^{-1} = \begin{bmatrix} 0 \\ \mathbf{I}\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} b^{12}\beta\mathbf{I} \\ b^{12}\beta\mathbf{I} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}.$$

A matriz de variância e covariância da distribuição condicional a *posteriori* para $[\beta|todos]$

$$\hat{V}_\beta = \left[\mathbf{X}' (\mathbf{R}_e^{-1} \otimes \mathbf{I}_n) \mathbf{X} + \mathbf{P}^{-1} \right]^{-1}.$$

A distribuição condicional completa a *posteriori* de $\mathbf{a}$ é

$$[\mathbf{a}|todos] \sim N \left(\mathbf{a}, \hat{\mathbf{V}}_a \right), \quad (51)$$

sendo

$$\hat{\mathbf{a}} = \left[\mathbf{Z}' (\mathbf{R}_e^{-1} \otimes \mathbf{I}_n) \mathbf{Z} + \mathbf{G}_0^{-1} \otimes \mathbf{A}^{-1} \right]^{-1} \mathbf{Z}' (\mathbf{R}_e^{-1} \otimes \mathbf{I}_n) (\mathbf{v} - \mathbf{X}\beta)$$

e

$$\hat{\mathbf{V}}_a = \left[\mathbf{Z}' (\mathbf{R}_e^{-1} \otimes \mathbf{I}_n) \mathbf{Z} + \mathbf{G}_0^{-1} \otimes \mathbf{A}^{-1} \right]^{-1},$$

o parâmetro de locação restante a ser amostrado é β .

$$P(\beta|todos) \propto P(\beta_{1h}, \beta_{2h}|\beta, \mathbf{B}_h)$$

$$\propto P\left(\beta_{1h}, |\sigma_{\beta_{1,h}}^2\right) P(\beta_{2h}|\beta_{1h}, \beta, \mathbf{B}_h)$$

$$\propto P(\beta_{2h}|\beta_{1h}, \beta, \mathbf{B}_h),$$

desde que $[(\beta_{1h}, \beta_{2h} | \beta, \mathbf{B}_h)]$ é uma normal multivariada da expressão $\begin{bmatrix} \beta_{1h} \\ \beta_{2h} \end{bmatrix} | \beta, \mathbf{B}_h$, indica que os pares $(\beta_{1h,k}, \beta_{2h,k})$ e $(\beta_{1h,k'}, \beta_{2h,k'})$ são mutualmente independentes, *a priori*, sendo que $k = 1, 2, \dots, H$, denota um nível de uma fator com possíveis problemas de categorias extrema. Então,

$$P(\beta | todos) \propto \prod_{k=1}^H P(\beta_{2h,k} | \beta_{1h,k}, \beta, \mathbf{B}_h) \\ \propto \prod_{k=1}^H \exp \left[-\frac{(\beta_{2h,k} - \mu_{\beta_{2,1,k}})^2}{2\tau_{\beta_{2,1}}^2} \right],$$

em que

$$\mu_{\beta_{2,1,k}} = \beta + \frac{\sigma_{\beta_{12,h}}}{\sigma_{\beta_{1,h}}^2} \beta_{1h,k'},$$

e

$$\tau_{\beta_{2,1}}^2 = \sigma_{\beta_{2,h}}^2 \left(1 - \frac{(\sigma_{\beta_{12,h}})^2}{\sigma_{\beta_{1,h}}^2 \sigma_{\beta_{2,h}}^2} \right).$$

Definindo uma variável $\beta_{2h,k}^* = \beta_{2h,k} - \frac{\sigma_{\beta_{12,h}}}{\sigma_{\beta_{1,h}}^2} \beta_{1h,k}$, a distribuição condicional *a posteriori* de β pode ser escrita como

$$P(\beta | todos) \propto \prod_{k=1}^H \exp \left[-\frac{(\beta_{2h,k}^* - \beta)^2}{2\tau_{\beta_{2,1}}^2} \right].$$

Visto como uma função de β , esta é uma distribuição normal com média $\bar{\beta} = \frac{1}{H} \sum_{k=1}^H \beta_{2h,k}^*$ e variância $\frac{1}{H} \tau_{\beta_{2,1}}^2$, em que H é o número de níveis fo fator com ECP

$$\beta | todos \sim N \left(\frac{\sum_{k=1}^H \beta_{2h,k}^*}{H}, \frac{\sigma_{\beta_{2,h}}^2}{H} \left(1 - \frac{(\sigma_{\beta_{12,h}})^2}{\sigma_{\beta_{1,h}}^2 \sigma_{\beta_{2,h}}^2} \right) \right). \quad (52)$$

A distribuição *posteriori* condicional completa das matrizes de covariância dos termos relevantes (45) todas as matrizes de dispersão são condicionalmente independentes, dado todos os outros parâmetros,

$$P(\mathbf{G}_0 | todos) \propto \mathbf{P}(\Omega) \quad (53)$$

$$\propto P(\mathbf{a} | \mathbf{G}_0) \mathbf{P}(\mathbf{G}_0),$$

conforme o caso para variáveis simples

$$\mathbf{G}_0|todos \sim IW_2 \left((\mathbf{V}_a^{-1} + \mathbf{S}_a)^{-1}, v_a + q \right). \quad (54)$$

Desta forma,

$$P(\mathbf{B}_h|todos) \propto (\beta_{1h}, \beta_{2h}|\beta, \mathbf{B}_h) P(\mathbf{B}_h) \quad (55)$$

é a densidade de Wishart inversa

$$\mathbf{B}_h|todos \sim IW_2 \left((\mathbf{V}_h^{-1} + \mathbf{S}_h)^{-1}, v_h + H \right), \quad (56)$$

sendo,

$$S_h = \begin{bmatrix} \beta'_{1h}, \beta_{1h} & \beta'_{1h}(\beta_{2h}, \mathbf{1}\beta) \\ (\beta_{2h}, \mathbf{1}\beta)' \mathbf{1}\beta_{1h} & (\beta_{2h}, \mathbf{1}\beta)'(\beta_{2h}, \mathbf{1}\beta) \end{bmatrix},$$

de forma similar a matriz de covariância residual

$$\begin{aligned} P(\mathbf{R}_e|todos) &\propto (\mathbf{y}_i, \mathbf{l}|\Omega) P(\Omega) \\ &\propto P(\mathbf{y}_i, \mathbf{l}|\beta, \mathbf{a}, \mathbf{R}_e) P(\mathbf{R}_e). \end{aligned} \quad (57)$$

Assim a distribuição condicional completa é

$$\mathbf{R}_h|todos \sim IW_2 \left((\mathbf{V}_e^{-1} + \mathbf{S}_e)^{-1}, v_n + n \right). \quad (58)$$

A distribuição condicional completa do j -ésimo limiar desconhecido é obtido da seguinte forma

$$\begin{aligned} P(t_j|todos) &\propto (\mathbf{y}_{2o}, |l, \Omega) P(\Omega) \\ I(t_{j-1} < l_{o,i} < t_j) I(y_{2o,i} = j) &+ (t_j < l_{o,i} < t_{j+1}) I(y_{2o,i} = j + j). \end{aligned} \quad (59)$$

sendo que, n_{2o} é o número de dados categóricos observados.

2.7.7 Verificação da convergência

A distribuição estacionária na prática nunca é conhecida, de forma que não é possível estabelecer quantas iterações são necessárias para se obter o estado de equilíbrio da cadeia. Porém pode-se avaliar a convergência das cadeias detectando problemas fora do período de aquecimento (*burn-in*). Uma análise de convergência em métodos de simulação pode ser feita preliminarmente por uma inspeção gráfica ou medidas descritivas dos valores simulados da quantidade de interesse. Os gráficos mais frequentes são o gráfico de θ ao longo das iterações e um gráfico da distribuição *a posteriori* de θ obtida, por exemplo, um histograma ou um *kernel* de uma densidade. As estatísticas usuais são a média, o desvio padrão e os quantis (2, 5%; 50%; 97, 5%). O algoritmo Gibbs Sampler é iterativo, ou seja, necessita da constatação de convergência, para que realmente se possa inferir sobre seu resultado como sendo valores das distribuições marginais dos parâmetros do modelo considerado. Para avaliação da convergência desses algoritmos opta-se pelos testes de diagnóstico de Geweke (1992), Gelman e Rubin (1992), Raftery-Lewis (1992b) e o de Heidelberg e Welch (1983).

Ao se analisar a convergência de uma sequência gerada por meio do amostrador de Gibbs, é comum descartar as primeiras iterações, em geral, de 10% a 50% do total, considerando-se que essa primeira parte esteja sendo influenciada pelos valores iniciais. Esse início da cadeia é chamado de período de “aquecimento” ou *burn-in*. Outro aspecto importante refere-se à dependência entre as observações subsequentes da cadeia. Para se obter uma amostra independente, as observações devem ser espaçadas por um determinado número de iterações, ou seja, considerar saltos (*thin*) de tamanho k , usando, para compor a amostra, os valores a cada k iterações.

Os critérios de Raftery e Lewis fornecem estimativas do número de iterações necessárias para se obter a convergência, do número de iterações iniciais que devem ser descartadas (*burn-in*) e da distância mínima (k) de uma iteração à outra para se obter uma amostra independente. O critério de Heidelberg e Welch propõe testar a hipótese nula de estacionariedade da sequência gerada, por meio de testes estatísticos. Se a hipótese nula é rejeitada para um dado valor, o teste é repetido depois de descartados os 10% valores iniciais da sequência. Se a hipótese é novamente rejeitada, mais 10% dos valores iniciais são descartados e assim sucessivamente até serem descartados os 50% valores iniciais. Se a hipótese for novamente rejeitada, isto indica que é necessário um número maior de

iterações. Caso contrário, o número inicial de iterações descartadas é indicado como o tamanho do *burn-in*. O critério utiliza também o teste de HalfWidth para verificar se a média estimada está sendo calculada com uma acurácia pré especificada, sendo testada a porção da sequência que passou no teste de estacionariedade para cada parâmetro. Se o resultado for positivo, a média está sendo estimada com um erro aceitável, portanto, julgada ser a média da distribuição de interesse.

Usando técnicas de análise espectral, o critério de Geweke fornece um diagnóstico para a ausência de convergência. Este propõe o diagnóstico de convergência para Cadeias de Markov baseados no teste de igualdade de médias da primeira e última parte da cadeia de Markov (geralmente dos primeiros 10% e dos últimos 50%).

O critério de Gelman e Rubin pressupõe que m cadeias tenham sido geradas em paralelo, partindo de diferentes valores iniciais, num total de $2n$ iterações, das quais n são descartadas (*burn-in*). As m sequências rendem m possíveis inferências. Se estas inferências são similares tem-se um indicativo de que a convergência foi alcançada ou está próxima. Este teste calcula a função de autocorrelação da cadeia de Markov com defasagens (*lags*) de 0, 1, 5, 10 e 50. Autocorrelações altas dentro das cadeias indicam cadeias lentas e, usualmente, a sua convergência também será lenta. Uma forma de fácil visualização é através do gráfico de autocorrelação, sendo possível tirar todas as conclusões a respeito da convergência. Outro procedimento que também é útil, é a construção de um gráfico da densidade *a posteriori* utilizando núcleo estimador (*Kernel*). Através da visualização deste gráfico, é possível se ter uma ideia da possível ou não convergência.

2.8 Modelos lineares generalizados mistos

Variáveis categorizadas ou binomiais tais como a presença ou ausência de determinados atributos nos indivíduos não são bem descritas por modelos estatísticos lineares. Para estas variáveis, os modelos não lineares para observações dicotômicas podem ser mais apropriados. A técnica de modelos lineares generalizados (MLG), desenvolvida por Nelder e Wedderburn (1972), permite a generalização ou flexibilização dos modelos lineares clássicos de variáveis contínuas, de forma que toda a estrutura para a estimação e predição em modelos lineares normais, pode ser estendida para os modelos não lineares, em que os modelos lineares clássicos são, casos especiais de modelos lineares generalizados (RESENDE e BIELE, 2002). A função matemática dos modelos lineares generalizados

é uma função sigmoideal, em que os modelos são não lineares nos parâmetros, de forma que é recomendada uma transformação da curva sigmoide em uma reta, a fim de que os procedimentos lineares possam ser aplicados na estimação dos parâmetros. Uma das transformações lineares mais recomendadas para os dados binomiais refere-se ao uso do modelo logístico (DEMÉTRIO, 1993; RODRIGUES-ZAS et al., 1997).

Um modelo linear generalizado é definido por: (i) um componente aleatório associado à distribuição da variável resposta; (ii) um componente sistemático linear nos parâmetros, denominado preditor linear ou estrutura linear do modelo; (iii) uma função de ligação, a qual combina o componente aleatório e o componente sistemático. No caso em que o componente observacional tem distribuição binomial, pode-se assumir que a distribuição da tolerância (escala contínua) em função das covariáveis tem distribuição logística e a função de ligação é a própria transformação logito a qual lineariza a função sigmoideal.

No âmbito dos modelos mistos, o componente sistemático dos MLG refere-se aos próprios modelos lineares mistos clássicos exceto o termo de erro, sendo que, para o caso de variáveis binomiais, a função de ligação deve ser incorporada aos preditores BLUP dos efeitos aleatórios e estimadores REML dos componentes de variância dos efeitos aleatórios, conforme Gilmour et al. (1985) e Schall (1991). A função de ligação logit é a mais indicada para dados binomiais, pois refere-se a uma ligação canônica ou natural, ou seja, uma função de ligação especial para a qual existe uma estatística suficiente de mesma dimensão que β em um preditor linear $\eta = \theta = \mathbf{X}\beta$ (DEMÉTRIO, 1993).

A incorporação da função de ligação nas equações de modelos lineares mistos para a estimação dos componentes de variância e predição de variáveis aleatórias gera a denominação de modelo não linear (THOMPSON, 1990), devido à relação não linear que existe entre os efeitos e a probabilidade de um indivíduo pertencer a uma determinada categoria da variável binária.

A função da correlação (pois a variância $\mu(1 - \mu)$ é completamente determinada pela média μ) existente entre médias e variâncias de variáveis binárias (Y), o uso das técnicas padrões de modelos estatísticos lineares não é recomendado. No caso específico da variável sobrevivência, a mesma pode ser modelada em termos de uma escala base contínua, que é a escala da tolerância ou susceptibilidade em resposta à dosagem do ambiente adverso. Desta forma, pode-se assumir que a tolerância tem uma distribuição

logística, a qual possui forma similar a da distribuição normal. A probabilidade μ , de um animal sobreviver (receber o escore 1) é função dos efeitos fixos e aleatórios, obedecendo à função sigmóide dada por:

$$\mu = \frac{1}{1 + e^{-\eta}} = \frac{e^{\eta}}{1 + e^{\eta}}, \quad (60)$$

em que η é a variável na escala logística.

A transformação da curva sigmóide em uma reta, visando à aplicação de procedimentos lineares é realizada através da transformação ou função logit dada por:

$$\eta = \log \left[\frac{\mu}{1 - \mu} \right] = \theta, \quad (61)$$

em que, $\log$ é o logarítmo natural.

Assim, o logit de μ equivale a $\eta = \theta$, sendo que um modelo linear pode ser associado a η . Substituindo-se os valores obtidos de η na função sigmóide $[\mu = \frac{e^{\eta}}{(1+e^{\eta})}]$, produz-se μ no intervalo entre 0 e 1.

Ao introduzirem a ideia de que modelos lineares generalizados tem maior flexibilidade na análise Nelder e Weddeburn (1972), relaxaram a suposição de que y tenha uma distribuição normal e permitiram que y siga qualquer distribuição desde que pertença à família exponencial com um parâmetro, na forma canônica, estas generalizações ocorrem em duas direções: (i) permitem que a esperança μ , de y , seja uma função monotonicamente diferenciável do preditor linear $\eta = \sum x_i \beta_i$ de forma que $\mu = h(\eta) = h(\sum x_i \beta_i)$; (ii) por inversão, $g(\mu) = \eta$, em que g é a função de ligação, a qual liga a média ao preditor linear. Uma representação por fluxograma de um modelo linear generalizado misto dos seus componentes encontra-se na Figura 1.

Como em um modelo linear misto, um modelo linear generalizado misto (MLGM) inclui os efeitos fixos, como β ; efeitos aleatórios, $u \sim N(0, G)$, $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ matrizes conhecidas, e um vetor de observações $\mathbf{y}$, para os quais a distribuição condicional devido aos efeitos aleatórios tem média μ , e matriz de covariância $\mathbf{R}$.

Um modelo linear generalizado misto inclui um preditor linear, e uma ligação e/ou função de ligação inversa. Além disso, a média condicional, μ , depende do preditor linear através de uma função de ligação inversa, $h(\cdot)$, e matriz de covariância, $\mathbf{R}$, depende de uma função de variância.

Figura 1 - Representação de um modelo linear generalizado misto

A taxa média de sobrevivência, μ , depende dos efeitos fixos e o valor genético do animal. Os efeitos fixos e os valores genéticos agem aditivamente sobre a escala subjacente conceitual. Seu efeito combinado sobre a escala base é expressa com o preditor linear η_i . O preditor linear é transformado para a escala observada (ou seja, a taxa média de sobrevivência) através de uma função de ligação inversa, $h(\cdot)$. A transformação típica é:

$$h(\eta) = \frac{e^\eta}{1 + e^\eta}.$$

2.8.1 Preditor linear η

Tal como acontece com um modelo linear misto, os efeitos fixos e aleatórios são combinados formando um preditor linear

$$\eta = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\mathbf{u}. \quad (62)$$

Com um modelo linear misto o modelo para o vetor de observações $\mathbf{y}$ é

obtido pela adição de um vetor de resíduos, $e \sim N(0, \mathbf{R})$ como segue,

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\eta} + e = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + e.$$

Equivalentemente, a variabilidade residual pode ser modelada por,

$$\mathbf{y}|\mathbf{u} \sim N(\boldsymbol{\eta}, \mathbf{R}).$$

A menos que $\mathbf{y}$ tem uma distribuição normal, a formulação utilizada para e é indesejada. Portanto, um modelo linear generalizado misto usa uma segunda abordagem para modelar a variabilidade residual. A relação entre o preditor linear e o vetor de observações em um modelo linear generalizado misto é modelado por,

$$\mathbf{y}|\mathbf{u} \sim (h(\boldsymbol{\eta}), \mathbf{R}),$$

em que, a notação $\mathbf{y}|\mathbf{u} \sim (h(\boldsymbol{\eta}), \mathbf{R})$ especifica que a distribuição condicional de $\mathbf{y}$ dado $\mathbf{u}$ tem média, $h(\boldsymbol{\eta})$ e variância, $\mathbf{R}$. A distribuição condicional de $\mathbf{u}$ dado $\mathbf{y}$ será referida como a distribuição dos erros. Escolha de que os efeitos fixos e aleatórios para incluir no modelo seguirá as mesmas considerações para um modelo linear misto.

É importante notar que o efeito do preditor linear é expresso por meio de uma função de ligação inversa. Com exceção da função de ligação identidade, $h(\boldsymbol{\eta}) = \boldsymbol{\eta}$, o efeito de alteração de uma unidade em η_i não corresponderá a uma mudança de uma unidade na média condicional, ou seja, a diferença prévia da progênie dependerá da relação progênie e ambiente através de $h(\boldsymbol{\eta})$. A relação entre o preditor linear, a resposta média na escala observada será considerado por meio da inversa da função de ligação.

2.8.2 Inversa da função de ligação

A inversa da função de ligação é usada para mapear o valor do preditor linear de observação i , η_i , para a média condicional da observação i , μ_i . Para muitos casos a função de ligação inversa é 1:1, ou seja, tanto μ_i quanto η_i são escalares. Para os modelos de limiar, μ_i é um vetor $1 \times t$, em que t é o número de níveis ordinais. Para modelos de curva de crescimento, μ_i é um vetor $n_i \times 1$ e η_i é um vetor $p \times 1$, em que o animal é medido n_i vezes e há p parâmetros da curva de crescimento. Para o modelo

linear misto, a inversa da função de ligação é a função identidade $h(\eta_i) = \eta_i$. Para valores zero/um de uma função de ligação logit $\eta_i = \ln(\mu_i/[1 - \mu_i])$ é frequentemente utilizada, a correspondente função de ligação inversa é $\mu_i = \frac{e^{\eta_i}}{1+e^{\eta_i}}$. A Tabela 1 enumera uma série de distribuições mais comuns juntamente com suas funções de ligação. Outras considerações incluem a simplicidade e a capacidade de interpretar os resultados da análise.

Tabela 2 - Funções de ligação comum e funções de variância para várias distribuições da família exponencial

Distribuição	Ligação	Ligação Inversa	$v(\mu)$
Normal	Identidade	η	1
Binomial	Logit	$e^\eta/(1 + e^\eta)$	$\mu(1 - \mu)/n$
	Probit	$\Phi(\eta)$	
Poisson	Log	e^η	μ
Gamma	Inversa	$1/\eta$	μ^2
	Log	e^η	

2.8.3 Função de variância

A função de variância é usada para modelar a variabilidade não sistemática. Normalmente em um modelo linear generalizado, a variabilidade residual surge de duas fontes, ou a partir da distribuição, por exemplo, uma variável aleatória Poisson com média μ tem variância μ , ou pela variabilidade adicional, através de dispersão, que é frequentemente observada.

Variabilidade devido ao excesso de dispersão pode ser modelado de uma série de maneiras. Uma abordagem é a escala da variabilidade residual como $\text{Var}(y_i|\mathbf{u}) = \phi v(\mu_i)$, em que v é um parâmetro de superdispersão. A segunda abordagem é adicionar um efeito ao acaso, $e_i \sim N(0, \phi)$, para o preditor linear para cada observação e uma terceira abordagem é selecionar uma outra distribuição. Por exemplo, em vez de utilizar um parâmetro (μ) da distribuição de Poisson para dados de contagem, dois parâmetros (μ, ϕ) da distribuição binomial negativa pode ser usada. As três abordagens envolvem a estimação de um parâmetro adicional. Escalando a variabilidade residual é a abordagem mais simples, porém pode render resultados não tão satisfatórios. A adição de um efeito aleatório tem o efeito de aumentar significativamente o tempo computacional.

2.8.4 Estimação e predição em modelos não lineares

As distribuições a serem assumidas para a escala de tolerância e correspondentes funções de ligação devem ser capazes de transformar o intervalo $(0,1)$ em $(-\infty, \infty)$. As distribuições logística, normal padrão e Gumbel (ou distribuição de valor extremo) para a tolerância e duas correspondentes funções de ligação denominadas logito, probito e complemento log-log são apropriadas para o modelo binomial. A função de ligação complemento log-log ($\log[-\log(1 - \mu)]$) é indicada para valores de μ próximos de zero. Segundo Cordeiro (1986) existe pouca diferença entre as distribuições normal e logística para a tolerância ou escala contínua. Entretanto, em virtude da interpretação mais simples e a ligação canônica entre o preditor linear e a média, a ligação logito é mais utilizada.

A função de variância de uma escala da variável aleatória binomial é $\nu(\mu_i) = \mu_i(1 - \mu_i)/n$. A função de ligação inversa é selecionada para o modelo não linear de resposta com média, μ_i , a mudanças no preditor linear, η_i . A função de ligação inversa selecionada é $\mu_i = \frac{e^{\eta_i}}{1 + e^{\eta_i}}$. A relação não linear entre o preditor linear e a média pode ser visto na Figura 2. Mudanças no preditor linear, quando a média é de cerca de 0,5 têm um impacto maior que mudanças semelhantes quando a média é de cerca de 0 ou 1. Por exemplo, uma mudança no preditor linear 0-0,5 altera a média de 50% para 62%. No entanto, uma mudança de 2 a 2,5 a média muda de 88% para 92%.

Considerando a função de ligação logito e a variável sobrevivência, em que os indivíduos vivos recebem o valor 1 e os mortos o valor 0, tem-se que $\mu_i = P(Y_i = 1)$ = probabilidade do indivíduo sobreviver; $g(\mu_i) = \eta_i = \log[\frac{\mu_i}{1-\mu_i}]$; $\boldsymbol{\eta} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ modelo linear imposto ao logito; $\boldsymbol{\beta}$ vetor de parâmetros na escala logito (escala de tolerância); $\mathbf{X}$ matriz de incidência para $\boldsymbol{\beta}$.

A variância residual, dado η_i ou (μ_i) , advém da amostragem binomial,

$$Var(Y_i|\mu_i) = \mu_i(1 - \mu_i) \quad (63)$$

No caso da variável de trabalho definida pelo modelo $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + (y - \mu)g'(\mu)$ (com erro normal e função de ligação identidade equivale ao modelo linear clássico $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + e$) de efeitos fixos, sendo os u 's tratados como parâmetros fixos, se cada Y_i é uma binomial independente $(1, \mu_i)$, Nelder e Wedderburn (1972) mostraram

Figura 2 - Inversa da função de ligação $\mu = \epsilon^\eta / (1 + \epsilon^\eta)$

que as soluções para as estimativas de máxima verossimilhança de $(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u})$ são obtidas iterativamente, resolvendo-se:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{W}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{W}\mathbf{Z} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{y}^* \\ \mathbf{Z}'\mathbf{W}\mathbf{y}^* \end{bmatrix},$$

em que, $\mathbf{y}^* = \boldsymbol{\eta} + \mathbf{U}(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})$ é a variável de trabalho, a qual é uma combinação linear do preditor linear $\boldsymbol{\eta}$ e da discrepância entre os valores observados e ajustados, $\mu = E(Y)$; $\mathbf{U}$ matriz diagonal com elementos $u_i = (\frac{\partial \eta_i}{\partial \mu_i})$; $\mathbf{W}$ uma matriz diagonal com elementos $w_i = \frac{(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i})^2}{[\mu_i(1-\mu_i)]}$

Para a ligação logit, tem-se:

$$\mu_i = \frac{\epsilon^{\eta_i}}{(1+\epsilon^{\eta_i})}; \quad w_i = \mu_i(1 - \mu_i); \quad u_i = \frac{1}{w_i}.$$

Assim,

$$y_i^* = \eta_i + \frac{y_i - \mu_i}{\mu_i(1 - \mu_i)}.$$

O procedimento iterativo é também denominado de mínimos quadrados ponderados iterativos (IWLS). Um algoritmo empregando o método numérico de Newton-Raphson é dado por:

1. Forneça os valores iniciais para $\hat{\mu}_i^{(0)}$;

2. Dados $\hat{\mu}_i^{(t)}$ e $\hat{\eta}_i^{(t)}$, forme a variável dependente ajustada, $\hat{y}_i^{*(t)} = \hat{\eta}_i^{(t)} + (y_i - \mu_i^{(t)})g'(\mu_i^{(t)})$ e $w_i^{(t)} = \hat{\mu}_i^{(t)}(1 - \mu_i^{(t)})$;
3. Reunindo β e u em um único vetor ϕ , X e Z em uma única matriz de incidência Q , obtenha $\hat{\phi}^{(t+1)}$ por: $\hat{\phi}^{(t+1)} = (Q'\hat{W}^{(t)}Q)^{-1}Q'\hat{W}^{(t)}y^{*(t)}$, em que $\hat{W}^{(t)} = \text{diag}(w_i^{(t)})$. Defina $\eta^{(t+1)} = Q\hat{\phi}^{(t+1)}$ e $\hat{\mu}^{(t+1)} = g^{-1}(\hat{\eta}^{(t+1)})$.
4. Repita os passos 2 e 3 até que se atinja a convergência segundo o critério desejado.

Conforme Firth (1991), os valores iniciais são $\hat{\mu}_i^{(0)} = y_i$, $\hat{\eta}_i^{(0)} = g(\mu_i^{(0)})$, em que y_i é a proporção observada. No caso em que $\eta = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\mathbf{u}$, define-se β e $\mathbf{u}$ vetores de efeitos fixos e aleatórios, respectivamente; $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ matrizes de incidência para β e $\mathbf{u}$, respectivamente. Todos os efeitos são assumidos como não correlacionados e os efeitos aleatórios têm esperança zero e matriz de covariância $\mathbf{G}$. A variável de trabalho pode ser definida pelo modelo $y = \mu + (y - \mu)g'(\mu)$ em que $(y - \mu)g'(\mu)$ refere-se ao vetor de erros aleatórios.

No caso especial em que y segue uma distribuição normal e $g(\mu)$ é uma ligação identidade, obtém-se o modelo linear clássico misto $y = X\beta + Zu + e$, em que $E(\mathbf{Y}) = \mathbf{X}\mathbf{B}$, $\text{Cov}(\mathbf{u}) = \mathbf{G}$, $\text{Cov}(\mathbf{e}) = \mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$ e consequentemente,

$$\text{Cov}(\mathbf{Y}) = \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{R} = \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{I}\sigma_e^2. \quad (64)$$

Para este modelo linear misto tradicional têm-se as seguintes equações de modelo misto para a estimação de β e predição de $\mathbf{u}$:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}.$$

Na situação em que os efeitos aleatórios são não correlacionados, os estimadores para os componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança (ML) são dados por (FELLNER, 1986; 1987):

$$\hat{\sigma}_u^2 = \frac{\hat{u}'\hat{u}}{q - \text{tr } C_{22}^{-1}/\sigma_u^2},$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{(y - X\hat{\beta} - Z\hat{u})(y - X\hat{\beta} - Z\hat{u})'}{N - r(x) - q + \text{tr } C_{22}^{-1}/\sigma_u^2} \sigma_e^2.$$

Pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML), os estimadores são dados por:

$$\hat{\sigma}_u^2 = \frac{\hat{u}'\hat{u}}{q - \text{tr}C^{22}/\sigma_u^2};$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{\left(y - X\hat{\beta} - Zu\right)' \left(y - X\hat{\beta} - Zu\right)}{N - r(x) - q + \text{tr}C^{22}/\sigma_u^2} \sigma_e^2,$$

em que, C_{22} é a partição da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto, referentes aos efeitos aleatórios; C^{22} é a partição da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto, referentes aos efeitos aleatórios; q é o número de níveis do efeito aleatório u ; $r(x)$ é o posto da matriz X ; tr é o operador traço matricial; σ_e^2 e σ_u^2 são valores correntes ou atuais (obtidos na iteração anterior) de $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_u^2$, respectivamente.

Estes estimadores são idênticos aos apresentados por Dempster et al. (1977) e Harville (1977), referentes ao algoritmo EM (*Expectation Maximization*). Para o caso em que y segue uma distribuição binomial, tem-se o caso da estimação em modelos lineares generalizados com efeitos fixos e aleatórios, conforme Schall (1991). A função de ligação logito aplicada aos dados y é linearizada, conforme a expansão em série de Taylor de primeira ordem fornecendo y^* , da seguinte forma:

$$y^* = g(y) = g(\mu) + (y - \mu) g'(\mu).$$

Assim tem-se:

$$y_i^* = \eta_i + \frac{(y_i - \mu_i)}{\mu_i(1 - \mu_i)} = \log\left(\frac{\mu_i}{1 - \mu_i}\right) + \frac{(y_i - \mu_i)}{\mu_i(1 - \mu_i)}.$$

De posse da variável observacional (ou dependente) ajustada y^* , tem-se que o modelo linear misto equivale a

$$y^* = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu}) \mathbf{g}'(\boldsymbol{\mu}), \quad (65)$$

em que,

$$E(y^*) = X\boldsymbol{\beta}, \quad \text{Cov}(u) = G, \quad \text{Cov}\left[(y - \boldsymbol{\mu}) \mathbf{g}'(\boldsymbol{\mu})\right] = W^{-1}\sigma_e^2 \quad \text{e} \quad \text{Cov}(y^*) = ZGZ' + W^{-1}\sigma_e^2$$

O modelo $\mathbf{y}^* = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu}) \mathbf{g}'(\boldsymbol{\mu})$, que define a variável de trabalho,

tem a mesma estrutura de primeira e segunda ordem que o modelo $y = X\beta + Zu + e$, de forma que os algoritmos de estimação e predição para o caso normal podem ser adaptados, apenas substituindo $\mathbf{y}$ por $\mathbf{y}^*$ e $Cov(e) = \mathbf{R}$ por $Cov[(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})g'(\boldsymbol{\mu})] = \mathbf{W}^{-1}\sigma_e^2$

Assim, têm-se as seguintes equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{S}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{S}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{S}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{S}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta}_L \\ \hat{u}_L \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{S}^{-1}\mathbf{y}^* \\ \mathbf{Z}'\mathbf{S}^{-1}\mathbf{y}^* \end{bmatrix},$$

em que $\mathbf{S}^{-1}$ é a matriz com termos diagonais dado por

$$\mu_i(1 - \mu_i) \frac{1}{\sigma_{e_L}^2},$$

sendo, $\sigma_{e_L}^2$ a variância residual na escala contínua de tolerância (liability); β_L e u_L efeitos fixos e aleatórios na escala de tolerância.

Os estimadores dos componentes de variância pelo método ML são dados por:

$$\hat{\sigma}_{u_L}^2 = \frac{\hat{u}_L' \hat{u}_L}{q - trC_{22}^{-1}/\sigma_{u_L}^2};$$

$$\hat{\sigma}_{e_L}^2 = \frac{(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\beta}_L + \mathbf{Z}\hat{u}_L)' \mathbf{S}^{-1} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\beta}_L + \mathbf{Z}\hat{u}_L)}{N - r(x) - q + trC_{22}^{-1}/\sigma_{u_L}^2} \sigma_{e_L}^2.$$

No caso em que u refere-se a um vetor de valores genéticos aditivos tem-se que $Cov(u) = \mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_{u_L}^2$, em que $\mathbf{A}$ é a matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos e $\sigma_{u_L}^2$ é a variância de a_L . Neste caso, os estimadores REML são dados por:

$$\hat{\sigma}_{u_L}^2 = \frac{\hat{u}_L' \mathbf{A}^{-1} \hat{u}_L}{q - tr(\mathbf{A}^{-1} \mathbf{C}_{22}^{-1})/\sigma_{u_L}^2};$$

$$\hat{\sigma}_{e_L}^2 = \frac{(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\beta}_L + \mathbf{Z}\hat{u}_L)' \mathbf{S}^{-1} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\beta}_L + \mathbf{Z}\hat{u}_L)}{N - r(x) - q + tr(\mathbf{A}^{-1} \mathbf{C}_{22}^{-1})/\sigma_{u_L}^2} \sigma_{e_L}^2.$$

O processo iterativo é repetido até a convergência, com o valor predito de $\hat{\theta} = \mathbf{X}\hat{\beta}_L + \mathbf{Z}\hat{u}_L$, transformado, usando a função de ligação para obtenção do novo valor predito de μ através de $\hat{\mu} = \frac{e^{\hat{\theta}}}{1 + e^{\hat{\theta}}}$, o qual é utilizado para atualização de $\mathbf{S}^{-1}$ e $\mathbf{y}^*$.

Em resumo, o processo de estimação envolve:

- i) estimação de $\mu = n_1/N$, em que n_1 é o número de indivíduos;

- ii) obtenção de y^* a partir de y e μ ;
- iii) estimação de $\hat{\beta}_L$ e $\hat{u}_L$, dados os valores atuais ou correntes de μ , $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_u^2$;
- iv) obtenção de $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_u^2$ iterativamente e, após a convergência, proceder à obtenção atualizada de $\hat{\beta}_L$ e $\hat{u}_L$;
- v) obtenção de $\hat{\eta} = \hat{\theta} = X\hat{\beta}_L + Z\hat{u}_L$;
- vi) obtenção de novo valor predito de μ , usando a função de ligação, por meio de $\hat{\mu} = \frac{e^{\hat{\theta}}}{1+e^{\hat{\theta}}}$ (neste passo, a variável volta ao intervalo (0,1));
- vii) atualização de S^{-1} via $S^{-1} = \mu_1(1-\mu_1)\frac{1}{\sigma_{eL_1}^2}$ e de y^* via $y^* = \log\left(\frac{\hat{\mu}_1}{1-\hat{\mu}_1}\right) + \frac{(y_1-\hat{\mu}_1)}{\hat{\mu}_1(1-\hat{\mu}_1)} = \hat{\theta} + \frac{(y_1-\hat{\mu}_1)}{\hat{\mu}_1(1-\hat{\mu}_1)}$;
- viii) voltar ao passo (c), enquanto não se atingir a convergência.

É interessante notar que este algoritmo é essencialmente hierárquico, havendo a necessidade de convergência no passo (d). Algoritmo hierárquico similar (mas não envolvendo variáveis binomiais) para modelos não lineares foi apresentado por Gregoire e Schabemberger (1996).

Os algoritmos apresentados são do tipo EM. Outros algoritmos relatados em literatura para a análise de modelos lineares generalizados mistos (GLMM) são o PQL (*penalized quasi-likelihood*) de Breslow e Clayton (1993) e o IRREML (*iterated re-weighted REML*) de Engel e Keen (1994). Para GLMMs, os procedimentos de estimação e predição de Schall (1991), Breslow e Clayton (1993) e Engel e Keen (1994) são equivalentes (KEEN e ENGEL, 1996). Sob suposições de normalidade, para componentes de variância fixos, o procedimento IRREML é equivalente ao procedimento Bayesiano MAP (máximo a posteriori), de forma que o IRREML fornece uma alternativa não Bayesiana, de derivação do MAP (ENGEL e KEEN, 1994).

O uso de modelos não lineares é especialmente indicado, quando os indivíduos a serem avaliados pertencem a diferentes níveis dos efeitos fixos, com diferentes valores de incidência para a variável em análise. Neste caso, a obtenção do coeficiente de herdabilidade [$h^2 = \sigma_u^2/(\sigma_u^2 + \sigma_e^2)$] na escala base contínua, por meio da transformação de probito é inapropriada pois a transformação é função da incidência, a qual difere para os indivíduos dos diferentes níveis dos efeitos fixos. Uma vez que as diferenças entre os

níveis dos efeitos fixos correspondem a mudanças na escala base, uma função para ligação das mudanças nas duas escalas necessita ser incorporada nas equações de modelo misto. Para obter de y^* e S^{-1} diferentes valores de μ_i devem ser computados para os diferentes níveis dos efeitos fixos.

2.8.5 Teste de ajustamento de um modelo

Além de sua utilidade na estimação, o princípio da verossimilhança também permite comparar a adequabilidade de vários modelos, desde que os mesmos tenham uma estrutura hierárquica ou aninhada. Dados dois modelos U e V com máximos das funções de verossimilhança (restrita ou não) $L(U)$ e $L(V)$ e correspondentes números de parâmetros n_u e n_v , $D = -2\log(L(U)/L(V))$ possui, aproximadamente e sob certas condições de regularidade, distribuição proporcional a uma χ^2 com $n_v - n_u$ graus de liberdade (assumindo U como hierárquico ou um caso especial de V). Quando o modelo V é saturado e equivale a uma exata reprodução dos dados, D recebe o nome especial de *deviance* do modelo U (CROSBIE e HINCH, 1985). Sob normalidade de erros, a *deviance* equivale a soma de quadrados dos resíduos, a qual segue uma distribuição múltipla de uma χ^2 .

O teste de ajustamento de um modelo linear generalizado é feito por meio da estatística S_p definida por Nelder e Wedderburn (1972) como $S_p = 2(\hat{L}_n - \hat{L}_p)$ em que S_p é a própria *deviance* e $\hat{L}_n - \hat{L}_p$ são os máximos do logaritmo da função de verossimilhança para os modelos saturado e o sob pesquisa. Assim, o modelo saturado é usado como base de medida do ajuste de um modelo sob pesquisa (DEMÉTRIO, 1993).

A *deviance* é sempre maior ou igual a zero e à medida que entram variáveis explanatórias (ou covariáveis) no componente sistemático, a *deviance* decresce até se tornar zero para o modelo completo ou saturado. Um modelo bem ajustado aos dados apresenta uma verossimilhança máxima grande e uma pequena *deviance*. Quanto melhor for o ajuste do modelo aos dados tanto menor será o valor de S_p (CORDEIRO, 1986; DEMÉTRIO, 1993).

Para testar a adequação de um modelo linear generalizado, a *deviance* (com $n - p$ graus de liberdade, em que p é o posto da matriz do modelo) deve ser comparada com alguma distribuição de probabilidade de referência. Não se conhece, em geral, a distribuição de probabilidade da *deviance* e apenas resultados assintóticos são disponíveis.

Quando o modelo em investigação é verdadeiro, a *deviance* não é, em geral, distribuída como χ^2_{n-p} . Entretanto, na prática, testa-se um modelo linear generalizado, sem muito rigor, comparando-se o valor S_p com o valor crítico de χ^2 com $(n-p)$ graus de liberdade da distribuição χ^2 a um nível de significância α . Assim, se $S_p \geq \chi^2_{n-p;\alpha}$ o modelo é rejeitado e se $S_p \leq \chi^2_{n-p;\alpha}$ o modelo é aceito (CORDEIRO, 1986; DEMÉTRIO, 1993).

Conforme McCullagh e Nelder (1989), $L(\hat{\mu}, \phi; y)$ equivale ao logaritmo da função verossimilhança maximizada para um valor fixado do parâmetro de dispersão ϕ . Para dados binários, ϕ é assumido conhecido e igual a 1. Entretanto, na prática, os dados podem exibir algum grau de superdispersão ($\phi > 1$) ou subdispersão ($\phi < 1$). Segundo Lindsey (1997), o fato de ϕ ser diferente de 1 pode ser explicado pelo não atendimento das suposições (eventos independentes, por exemplo) assumidas para que determinado conjunto de dados tenha distribuição binomial. Neste caso, quebra-se a dependência original existente entre a média (μ) e variância $[\mu(1 - \mu)]$ de uma distribuição Bernoulli. Em presença de sub ou superdispersão, uma correção visando a realização de inferências aproximadas, refere-se à multiplicação da variância $\mu(1 - \mu)$ por uma estimativa $\hat{\phi}$ de ϕ (FIRTH, 1991; PAUL e ISLAM, 1995).

No caso em que ϕ é desconhecido admite-se que ele é o mesmo para todas as observações. A estimação de ϕ é necessária para obtenção dos erros padrões das estimativas. Segundo Lindsey (1997), a *deviance* média para o modelo maximal pode propiciar uma estimativa para o parâmetro de dispersão ϕ . Esta *deviance* média é denominada fator de heterogeneidade ou fator de heterogeneidade de variância (LINDSEY, 1997; GILMOUR et al., 2000). Tal fator de heterogeneidade pode ser calculado por $\hat{\phi} = D/gl$ em que D é a *deviance* como uma medida da falta de ajuste da distribuição binomial e gl refere-se à diferença entre o número de parâmetros dos dois modelos para calcular a *deviance*.

Para dados com distribuição normal, uma análise de variância baseada nas somas dos quadrados para uma sequência de modelos pode ser utilizada para pesquisar o ajuste de vários modelos e os efeitos das variáveis explicativas, fatores e suas interações. Para os modelos lineares generalizados, um procedimento análogo (NELDER e WEDDERBURN, 1972), baseado nos valores de *deviance* e não em soma de Quadrados dos resíduos, tem sido utilizado para construção de uma análise de *deviance*.

A análise de *deviance* é uma generalização da análise de variância para mod-

elos lineares generalizados, visando obter, a partir de uma sequência de modelos, cada um incluindo mais termos do que os anteriores, os efeitos de fatores, covariáveis e suas interações. Dada uma sequência de modelos encaixados, utiliza-se a deviance como uma medida de discrepância do modelo e forma-se uma tabela de diferenças de deviances. Considerando os modelos M_p e M_q ($p < q$) com p e q parâmetros independentes, pode-se usar $\frac{(n-p)(S_p-S_q)}{(q-p)S_q} \cap F_{q-p;n-p}$ como aproximação para teste de ajuste dos modelos (DEMÉTRIO, 1993).

2.9 Parâmetros genéticos

A estimação dos parâmetros genéticos de uma população permite obter informações sobre a natureza da ação dos genes envolvidos na herança dos caracteres e estabelecer a base para a escolha dos métodos de melhoramento mais convenientes. Valores genéticos são definidos como a soma dos efeitos médios dos genes dos pais que dão origem ao valor genotípico médio de suas progênes. Os valores genéticos podem ser medidos, mesmo quando os efeitos médios dos genes individuais não o podem.

2.9.1 Herdabilidades

O conceito de herdabilidade e a definição de como estimar e dimensionar o parâmetro populacional foi introduzido por Fisher (1918) e Wright (1920). Herdabilidade é formalmente definida como uma razão de variâncias, expressando a proporção da variância fenotípica que pode ser atribuída a variância genotípica. Existem outras definições tais como uma regressão do valor genético sobre o valor fenotípico (β_{ap}). O papel da herdabilidade é muito importante em prever o valor genético de um indivíduo, bem como na previsão dos ganhos genéticos esperados do resultado da adoção de um particular esquema de seleção.

Parâmetros populacionais (P) são fenótipos observados de uma característica de interesse e podem ser particionados, conforme os modelos biológicos possíveis, em um modelo estatístico que representa a contribuição do genótipo (G) e fatores ambientais (E) não observáveis. A variância dos fenótipos observáveis (σ_P^2) pode ser expresso como a soma das variâncias subjacentes não observáveis (σ_G^2 e σ_E^2), $\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2$. Já a variância genética pode ser particionada dentro dos efeitos de variância genética aditiva (valores genéticos, $Va = \sigma_a^2$), efeitos genéticos de dominância (interações entre alelos no

mesmo locus - $Vd = \sigma_d^2$), efeitos genéticos epistáticos (interação entre alelos de diferentes locus $Vi = \sigma_i^2$),

$$Vp = Vg + Ve$$

$$Vp = Va + Vd + Vi + Ve.$$

A razão da variação genética total e a variação fenotípica (observada) é denominada como coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (H^2). A variação genética aditiva em relação a variação fenotípica é chamada de coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h^2).

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}.$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_P^2}.$$

2.9.2 Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais

Em programas de melhoramento é fundamental o conhecimento da magnitude de correlação genética, pois a seleção é normalmente feita para várias características em conjunto, é necessário conhecer as relações entre elas permitindo entender melhor os mecanismos envolvidos. Relações diretas entre características tornam o estudo de correlações genéticas atrativo, pois a seleção para uma determinada característica pode causar resposta em outra geneticamente relacionada, e em alguns casos as grandezas são contrárias.

A correlação fenotípica entre duas características pode ser influenciada pela herança, ambiente ou ambos. A forma que a correlação fenotípica está relacionada à correlação genética, a qual é a correlação de desvios ambientais em conjunto com os desvios genéticos não aditivos. A covariância entre dois caracteres pode ser particionada dentro de dois componentes. As correlações genéticas e ambientais que correspondem a partição da covariância dentro do componente genético aditivo versus todo o resto.

A correlação entre duas características independente da sua natureza é obtida pela razão de uma apropriada covariância e do produto de dois desvios padrões.

Sendo representada por,

$$r_p = \frac{COV_p}{\sqrt{V_{px}V_{py}}}.$$

A covariância fenotípica é a soma das covariâncias genéticas e ambientais,

$$r_p = \frac{COV_G + COV_E}{\sqrt{V_{px}V_{py}}}.$$

O denominador pode ser expresso segundo o desvio $V_G = h^2V_p$ e $V_E = e^2V_p$ então,

$$r_p = h_x h_y \frac{COV_G}{\sqrt{V_{Gx}V_{Gy}}} + e_x e_y \frac{COV_E}{\sqrt{V_{Ex}V_{Ey}}}, \text{ Portanto}$$

$$r_p = h_x h_y r_G + e_x e_y r_E. \quad (66)$$

Por meio da expressão (66) pode-se observar que correlações de causas genéticas e ambientais se combinam para que se obtenha a correlação fenotípica. Se ambas as características tem baixa herdabilidade então a correlação fenotípica é determinada principalmente pela correlação ambiental, e se tiverem alta herdabilidade a correlação fenotípica terá causas na correlação genética. Apenas a correlação fenotípica não pode esclarecer a magnitude e o sinal da correlação genética.

Referências

ALBERT, J.; CHIB, S. Bayesian analysis of binary and polychotomous response data. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v.88, n.422, p.669-679. 1993.

AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: **Second international symposium on information theory**. Budapest: Academiai Kiado. p.267-281, 1973.

ANDERSON, D.; AITKIN, M. Variance Component Models with Binary Response: Interviewer Variability, **Journal of the Royal Statistical Society**, Malden, B, v.47. n.2, p.203-210. 1985.

ARTHUR, P.F.; REARNSHAW, H.; KOHUN, P. J.; BARLOW, R. Evaluation of Bos indicus and Bos taurus straightbreds and crosses. III Direct and maternal genetic effects on growth traits, **Australian Journal Agricultural Research**, East Melbourne, v.45, p.807-818, 1994.

ARTHUR, P. F.; HEARNshaw, H.; STEPHENSON, P. D. Direct and maternal additive and heterosis effects from crossing *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle: cow and calf performance in two environments. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.57, p.231-241, 1999.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES – ABIEC. Disponível em: <www.abiec.com.br>. Acesso em: 23 jan. 2012.

BAKER, R. L. The role of maternal effects on the efficiency of selection in beef cattle: a review. In: **Proceeding New Zealand society Animal Production**, Nova Zelândia, v.40, p.285-303. 1980.

BERNARDO, J.; SMITH, A. **Bayesian theory**. John Wiley and Sons. Chichester, 1994. 598p.

BIF. Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs. 7ed. **Beef Improvement Federation**, Colby: W&BS, 1996. 161p.

BLISS, C. I. The calculator of the dosage-mortality curve. **Annals of Applied Biology**, London, v.22, p. 134-167, 1935.

BOLFARINE, H.; SANDOVAL, M. C. **Introdução à Inferência Estatística**. Sociedade Brasileira de Matemática, Rio de Janeiro, 2001. 125p.

BOURDON, R. Composites 101. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.122-127, 1999.

BOX, G. E. P.; TIAO, G. C. **Bayesian Inference in Statistical Analysis**. New York: J. Wiley-Interscience, 1992. 588p.

BRESLOW, N. E.; CLAYTON, D.G. Approximate inference in generalized linear mixed models. **Journal of the American Statistical Association**. New York, v.88, p.9-25, 1993.

BROEMELING, L. D. **Bayesian Analysis of Linear Models**. Marcel Dekker, New York, 1985.

BURROW, H.M.; MOORE S.S.; JOHNSTON D.J.; BARENDSE W.; BINDON B.M. Quantitative and molecular genetic influences on properties of beef: a review, **Australian Journal of experimental Agriculture**. East Melbourne, v.41, p.893-919, 2001.

CARNEIRO JR., J. M.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S.; TORRES, A. R. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.2, p.328-336, 2004.

CANTET, R. J. C.; BIRCHMEIER, A.N. The effects of sampling selected data on method $\hat{A}$ estimates of heritability. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., Armidale, 1998. **Proceedings...** Armidale: WCGALP, 1998. v.25, p.529-532.

COCKERHAM, C. C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Lancaster, v.23, n.1, p.72-84, 1969.

COWLES, M. K.; CARLIN, B. P. Markov Chain Monte Carlo convergence diagnostics: a comparative review. **Journal of the American Statistical Association**. New York, v.91, p.883–904. 1996.

COX, D. R., SNELL, E. J. **The analysis of binary data**. 2ed. London: Chapman and Hall. 1989.

CORDEIRO, G. M. **Modelos lineares generalizados**. Campinas: Universidade de Campinas, 1986. 286p.

CROSBIE, S. F.; HINCH, G.N. An intuitive explanation of generalized linear models. **Proceeding New Zealand society Animal Production**. Nova Zelândia, v.28, p.19-29, 1985.

CUNDIFF, L.V.; Cicle V of the germplasm evaluation (GPE) program in beef cattle. In: GERMPASM EVALUATION PROGRAM - PROGRESS REPORT, 4., 1993, Nebraska. **Proceedings...** Nebraska: Agricultural Research Service, 1993. p.3-5.

CUNDIFF, L.V. GREGORY, K.E.; KOCH, R.M. Preliminary results from cicle V of the cattle germplasm evaluation program at the Roman L. Hruska U.S. Meat Animal Research Center. In: GERMPASM EVALUATION PROGRAM - PROGRESS REPORT, 16., 1997, Nebraska. **Proceedings...** Nebraska: Agricultural Research Service, 1997. p.2-11.

CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E.; WHEELER, S.D.; SHACKELFORD, S.D. KOOHMARAI, M. Preliminary results from cicle V of the cattle germplasm evaluation program at the U.S. Meat Animal Research Center. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: WCGALP, 1998. v.23, p.185-188

CUNNINGHAM, E.P.; HENDERSON, C.R. An iterative procedure for estimating fixed effects and variance components in mixed model situations. **Biometrics**, Washington, v.24, 13-25, 1968.

DEMÉTRIO, C. G. B. **Modelos lineares generalizados na experimentação agronômica**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul., 1993. 125p.

DEMPSTER, E. R.; LERNER, I. M. Heritability of threshold characters. **Genetics**, Baltimore, v.35, p.212–236, 1950.

DEMPSTER, A. P.; LAIRD, N. M.; RUBIN, D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistical Society**, Malden, v.39, p.1-38, 1977.

DICKERSON, G. E. **Composition of hog carcasses as influenced by heritable differences in rate and economy of gain**. Agricultural Experiment Station, Iowa State College of Agriculture and Mechanic Arts p.354-489. 1947. 354p.

DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.

ENGEL, B.; KEEN, A. A simple approach for the analysis of generalized linear mixed models. **Statistics**. Neerlandica, v.48, n.1, p.1-22, 1994.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; DIAS, F. Estimaco de parâmetros genéticos para características produtivas na raça Nelore. I- Fase pré-desmama. In: REUNIÓN DE LA ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 17., 2001, La Habana. **Proceedings...** Havana: ALPA, 2001a. 1. CD-ROM.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; DIAS, F. Estimaco de parâmetros genéticos para características produtivas na raça Nelore. II -Fase pós-desmama. In: REUNIÓN DE LA ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 17., 2001, La Habana. **Proceedings...** Havana: ALPA, 2001b.1. CD-ROM.

FALCONER, D. S. Maternal effects and selection response. **IN: S. J. Gurtz Genetics today.** Pergamon Press, New York. 1965.

FALCONER, D. S. The inheritance of liability to diseases with variable age of onset with particular reference to diabetes mellitus. **Annals of Human Genetics**, Cambridge, v.31 n.1, 1967.

FELLNER, W. H. Sparse matrix and the estimation of variance components by likelihood methods. **Communications in Statistics - Simulation and Computation**, London. v.16, p.439-463, 1987.

FELLNER, W. H. Robust estimation of variance components. **Technometrics**, Washington, v.28, p.51-60, 1986.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; RIBEIRO, P. M. T. Genetic Study of Santa Gertrudis Cattle in Brazil. **Livestock Research for Rural Development**, Cali, v.12, n.2, 2000.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. **Sumário de touros Nelore 2000.** São José do Rio Preto: Agropecuária CFM, 2000. 60p.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; GOLDEN, B. L. A formaço do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reproduço Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.115-117, 1999b.

FIRTH, D. Generalized linear models. In: HINKLEY, D. V.; REID, N.; SNELL, E. J. **Statistical Theory and Modelling**, London: Chapman & Hall, p.55-82, 1991.

FISHER, R. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of Royal Society of Edinburgh**, Edinburgh, v.52, p.399-433, 1918.

FOULLEY, J. L.; IM, S.; GIANOLA, D.; HOESCHELE, I. Empirical Bayes estimation of parameters for n polygenic binary traits. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.19, n.197, 1987.

FOULLEY, J. L.; GIANOLA, D.; THOMPSON, R. Prediction of genetic merit from data on categorical and quantitative variates with an application to calving difficulty, birth weight and pelvic opening. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.25, p.407-424, 1983.

FOULLEY, J. L., MANFREDI, E. Approaches statistiques de Yevaluation genetique des reproducteurs pourdes caracteres binaires a seuils. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.23, p.309, 1991.

GELMAN, A.; CARLIN, J. B.; STERN, H. S.; RUBIN, D. B. **Bayesian Data Analysis**, 2ed. London: CRC Press. 2003.

GELMAN, A.; RUBIN, D. B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, Hayward v.7, n.4, p.457-511, 1992.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J. M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 1992. Cap.4, p.625-631.

GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.54, p.1079-1080, 1982.

GIANOLA, D. Inference about Breeding Values. In: BALDING, D. J.; BISHOP, M.; CANNINGS, C.; **Handbook of Statistical Genetics**. England: Wiley, 2003. 574p.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L.; IM, S.; FOULLEY, J.L. Likelihood estimation of quantitative genetic parameters when selection occurs: models and problems. **Genome**, Ottawa, v.31, p.768-777, 1989.

GIANOLA, D., FOULLEY, J. L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.15, p.201-224, 1983.

GILMOUR, A. R.; ANDERSON, R. D.; RAE, A. L. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. **Biometrika**, Cambridge, v.72, p.593-599, 1985.

GILMOUR, A. R., THOMPSON, R., CULLIS, B. R. Average information REML. An efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**, Washington, v.51, p.1440-1450, 1995.

GILMOUR, A. R.; CULLIS, B. R.; WELHAM, S. J.; THOMPSON, R. **ASREML Reference Manual**. Orange: NSW Agriculture, 2000. 218p.

GRASER, A. U., SMITH, S. P., TIER, B. A derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.64, p.1362-1370, 1987.

GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L.V. Breeding programs to use heterosis and breed complementarity. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 23, p. 65-77, 1999.

GREGOIRE, T. G.; SCHABENBERGER, O. Nonlinear mixed-effects modeling of cumulative bole volume with spatially correlated within tree data. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, Alexandria, v.1, n.1, p.107-119, 1996.

HARTLEY, H. O.; RAO, J. N. K. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, Cambridge, v.54, p.93-108, 1967.

HARVILLE, D.A. Maximum likelihood approaches to variances component estimation and to relates problems. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v.72, p.320-340, 1977.

HARVILLE, D. A., MEE, R. W. A mixed model procedure for analyzing ordered categorical data. **Biometrics**, Washington, v.40, p.393-408, 1984.

HEIDELBERG, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Maryland, v.31, p.1109-44, 1983.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Washington, v.31, p.423-447, 1975.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VONKROSIG C. N. Estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Washington, v.15, p.192-218, 1959.

HENDERSON, C.R. **Applications of Linear Models in Animal Breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462p.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Washington, v.9, p.226, 1953.

HENDERSON, C. R. **Estimation of general, specific, and maternal combining abilities in crosses among inbred lines of swine**. Ph.D. Dissertation, Iowa State University, Ames, 1948.

HOESCHELE, I.; TIER, B. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.27, n.6, p.519-540, 1995.

HOHENBOKEN, W. D. Maternal effects. In: General and quantitative genetics, 3., Amsterdam, 1985. **Proceedings...** Amsterdam: Elsevier Science, 1985. p.135-149.

JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. **Journal Dairy Science**, Champaign, v.78, p.449-456, 1995.

KADARMIDEEN, H. N.; REKAYA, R. ; GIANOLA, D. Genetic parameters for clinical mastitis in Holstein Freisians in the United Kingdom: A Bayesian analysis. **Animal Science**. Cambridge, In press. 2002.

KAPS, M.; HERRING, W. O.; LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for mature weight in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, Albany, v.77, p.569-574, 1999.

KENNEDY, B. W.; SORENSEN, D.A. Properties of mixed model methods for prediction of genetic merit under different genetic models in selected and unselected populations. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., 1988, Raleigh. **Proceedings...** Raleigh: NCSU, 1988. p.91-103.

KOCH, R. M.; CLARK, R. T. Genetic and environmental relationships among economic characters in beef cattleII L Evaluating maternal environment. **Journal of Animal Science**, Albany, v.14, p.979. 1955.

KOCH, R. M.; CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Beef cattle breed resource utilization. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.3, p.55-80, 1989.

KOCH, R. M. The role of maternal effects in animal breeding: VI. Maternal effects in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Albany, v.35, p.1316-1323, 1972.

KOERHUIS A. N. M., THOMPSON R. Models to estimate maternal effects for juvenile body weight in broiler chicken. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.29, p.225-249, 1997.

LEE, Y.; NELDER, J. A. Hierarchical generalized linear models (with discussion). **Journal of the Royal Statistical Society Series B**, Malden, v.58, p.619-678, 1996.

LINDSEY, J. K. **Applying generalized linear models**. New York: Springer-Verlag, 1997. 256p.

LOPES, P. S.; MARTINS, E. N.; SILVA, M. A.; REGAZZI, A. J. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1993. 61p.

LUCHIARI FILHO, A.; MOURÃO, G. B. **Melhoramento, Raças e seus Cruzamentos na Pecuária Brasileira**. Pirassununga: LinBife, 2006. 142p.

MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.57, n.4, p.643- 652, 2000.

MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, TORRES JUNIOR, R.A. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1997. 121p.

Mc CULLAGH, P.; NELDER, J. A. **Generalized linear models**. 2.ed. London: Chapman and Hall, 1989. 511p.

MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. Estimativas de (co) variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.26, n.6, p.1124-1133, 1997.

MEYER, K. DFREML - A set programs to estimate variance components under an individual animal model. **Journal Dairy Science**, Champaign, v. 71, suppl. 2, p. 33-34, 1988.

MEYER, K. Restricted maximum likelihood to estimate variance components for animal models with several random effects using a derivative-free algorithm. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.21, p.317-340, 1989.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.23, n.1, p.67-83, 1991.

MEYER, B. **Eiffel: the Language**, New Jersey, Prentice Hall. 1992a.

MEYER, B. Applying Design by Contract, **IEEE Computer**, Anchorage, v.25, n.10, p.40-51, 1992b.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.44, p.125-137, 1995.

MEYER, K., THOMPSON, R. Bias in variance and covariance component estimators due to selection on a correlated trait. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v.101, n.1, p.33-50, 1984.

MISZTAL, I., GIANOLA, D., FOULLEY, J.L. Computing aspects of nonlinear method of sire evaluation for categorical data. **Journal Dairy Science**, Champaign, 53:643-650. 1989.

MOOD, M.A.; GRAYBILL, F.A.; BOES, D.C. **Introduction to the theory of statistical**. 3.ed. Tokyo: McGraw-Hill, 1974. p.340-343.

MORENO, C. On biased inference about variance components in the binary threshold model. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v.29, n.2, p.145-160, 1997.

MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; BUENO, R.S.; BALIEIRO, J.C.; MATTOS, E.C.; FIGUEIREDO, L.G. Non-additive genetic effects on weights and performance of a Brazilian Bos taurus × Bos indicus beef composite. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.7, n.4, p.1156-11163, 2008.

MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; BALIEIRO, J.C.C.; BUENO, R.S.; MATTOS, E.C.; FIGUEIREDO, L.G.G. Genetic parameters for growth traits of a Brazilian Bos taurus x Bos indicus beef composite. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 6, n. 4, p. 1190-1200, 2007.

MRODE, R. **Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values**. 2 ed. New York: CABI. 2005. 368p.

NANDRAM, B.; CHEN, M.H. Accelerating Gibbs sampler convergence in the generalized linear models via a reparameterization. **Journal of Statistical Computation and Simulation**, New York, v.54, p.129-144. 1996.

NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear models. **Journal of the Royal Statistical Society**, Malden, Series A, v.135, p.370-384, 1972.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal, **Biometrika**, Cambridge, v.58, p.545-54, 1971.

PAUL, S. R.; ISLAM, A. S. Analysis of proportions in the presence of over-/under dispersion. **Biometrics**, Washington, v.51, n.4, p.1400-1410, 1995.

PAULINO, C.D.; TURKMAN, M.A.; MURTEIRA, B. **Estatística Bayesiana** Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 2003. 446p.

PEARSON, K. On the criterion that a system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling. **Philosophical Magazine** London, v.5, n.50, p.157-175, 1900.

PEROTTO, D., ABRAHÃO, J. J. S., CUBAS., A.C. Efeitos da raça e da heteroze sobre características Ponderais de bezerros Nelore e mestiços Red Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.28, n.3, p.504-511, 1999.

PERRI, S. H. V.; IEMMA, A.F. Procedimento "MIXED" do SAS para análise de modelos mistos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.56, p.959-967, 1999.

PINHEIRO, J. C., BATES, D. M. **Mixed-effects models in s and s-plus**. New York: Springer-Verlag. 2000.

POLLAK, E. J.; VAN DER WERF, J.; QUAAS, R. L. Selection bias and multiple trait evaluation. **Journal Dairy Science**, Champaign, v.67, p.1590-1595, 1984.

QUAAS, R. L. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**, Washington, v.32, p.949. 1976.

QUAAS, R.L. and E.J. POLLAKk. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. **Journal Dairy Science**, Champaign, v.51, p.1277-1287, 1980.

RAFTERY, A.L.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? **Bayesian Statistics**, Oxford, v.4, p.763-74, 1992b.

RAO, C.R. Estimation of heterocedastic variances in linear models. **Journal of the American Statistical Association**, Baltimore, v.65, p.161-172, 1970.

RAO, C.R. Estimation of variance and covariance components – MINQUE Theory. **Journal of Multivariate Analysis**, Maryland Heights, v.1, p.257-275, 1971a.

RAO, C.R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. **Journal of Multivariate Analysis**, Maryland Heights, v.1, p.445-456, 1971b.

RESENDE, M. D. V. ; BIELE, J. Estimacão e predição em modelos lineares generalizados mistos com variáveis binomiais. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 20, p. 30-65, 2002.

RESENDE, M.D.V.; ROSA-PEREZ, J.R.H. **Genética e melhoramento de ovinos**. Curitiba: UFPR, 2001. 185p.

ROBERTSON, A.; LERNER, I. M. The heritability of allor-none traits : viability of poultry. **Genetics**, Baltimore, v.34, p.395-411. 1949.

ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.45, p.1-11, 1996.

RODRIGUES-ZAS, S.L; GIANOLA, D.; SHOOK, G. E. Factors affecting susceptibility to intra-mammary infection and mastitis: an approximate Bayesian analysis. **Journal Dairy Science**, Champaign, v.80, p.75-85, 1997.

ROSA, G. J. M.; YANDELL, B. S.; GIANOLA, D. A Bayesian approach for constructing genetic maps when markers are miscoded. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, v. 34, p. 353-369, 2002.

SCHAEFFER, L. R.; KENNEDY, B. W. Effects of embryo transfer in beef cattle on genetic evaluation methodology. **Journal of Animal Science**, Albany, v.67, p.2536, 1989.

SCHALL, R. Estimation in generalized linear models with random effects. **Biometrika**, Cambridge, v.78, p.719-727, 1991.

SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York: John Wiley, 1992. 501p.

SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Willey, 1971. 532p.

SEARLE, S. **Notes on variance component estimation. A detailed account of maximum likelihood and kindred methodology**. New York: Biometrics Unit, 1979. 146p.

SEARLE, S. R. **Linear models**. New York: J. Wiley & Sons, 532 p. 1971.

SEARLE, S. R. **Linear models for unbalanced data**. New York: John Wiley, 1987. 536 p.

SHAW, R. G. Maximum likelihood approaches applied to quantitative genetics of natural populations. **Evolution**, Lancaster, v.41, p.812-826. 1987.

SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetic Selection Evolution**, Les Ulis, v.27, p.229-249, 1995.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, bayesian and MCMC methods in quantitative genetics**, 3rd. ed. New York:Springer, 2002. 740p.

SMITH, E.J.; SAVAGE, T.F.; HARPER, J.A. Genetic variation in the incidence of pipped eggs in turkey selected for low and high semen ejaculate volume. **Poultry Science**, Champaign, v. 70, p. 2219-2222, 1991.

SORESEN, D. Gibbs Sampling in Quantitative Genetics. Danish Institute of Agricultural Sciences; **Internal Report**, Copenhagen, v.82, p.192, 1996.

SMITH, S.P., GRASER, H.V. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. **Journal Dairy Science**, Champaign, v.69, n.4, p.1156-1165, 1986.

THOMPSON, R. Iterative estimation of variance components for non-orthogonal data. **Biometrics**. Washington, v.25, p.767-73, 1969.

THOMPSON, R. Generalized linear models and applications to animal breeding. In: GIANOLA, D.; HAMMOND, K. (Ed.). **Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock**. Berlin: Springer-Verlag, 1990. p.312-328.

THOMPSON, R. The estimation of maternal genetic variances. **Biometrics**, Washington, v.32, p.903. 1976.

WALDRON, D.F.; MORRIS, C. A.; BAKER, R. L. Maternal effects for growth traits in beef cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.34, p.57-70, 1993.

WANG, C. S.; QUASS, R. L.; POLLK, E. J. Bayesian analysis of calving ease scores and birth weights. **Genetics, Selection, Evolution**, Les Ulis, 29, 117–143. 1997.

WILLHAM, R.L. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. **Journal of Animal Science**, Albany, v.35, n.6, p.1288-1293, 1972.

WILHAM, R.L. The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. **Biometrics**, Washington, v.19, p.18. 1963.

WILKS, S. S. The large-sample distribution of the likelihood ratio for testing composite hypotheses. **Annals of Mathematical Statistics**. v.9, p.60-62, 1938.

WRIGHT, S. An analysis of variability in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. **Genetics**, Pittsburgh, v.19, p.506-536, 1934.

VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. **Journal of Animal Science**, Albany v.76, p. 2048-2061, 1998.

VAN VLECK, L.D. **Selection Index and Introduction to Mixed Model Methods**. London: CRC Press. 2000. 481p.

VAYEGO, S.A.; DIONELLO, N.J.L.; FIGUEREIDO, E.A.P. Estimates of genetic parameters and trends for performance traits in paternal broile lineages under selection. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, n.37, p.1230-1235, 2008.

3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA AVALIAÇÃO DE BOVINOS COMPOSTOS MONTANA TROPICAL

Resumo

Os objetivos neste trabalho foram avaliar diferentes modelos de seleção com base nos efeitos aleatórios maternos considerados para características de crescimento e perímetro escrotal, estimar parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta (pesos ao nascer, à desmama e aos 12 meses de idade); perímetro escrotal aos 12 meses e correlações genéticas entre as características para bovinos compostos Montana Tropical, em análises uni e bicaracterísticas. As características peso ao nascimento, peso ao desmame, peso aos 12 meses e perímetro escrotal aos 12 meses foram analisadas utilizando-se seis modelos, partindo-se do mais completo que possuía todos os efeitos aleatórios para o que possuía apenas o efeito genético aditivo do animal via modelos encaixados. Os efeitos maternos influenciaram os pesos do nascimento aos 12 meses de idade e o peso à desmama. As estimativas de herdabilidade direta obtidas das análises bicaracterísticas foram superiores àquelas obtidas das análises unicaracterísticas. As estimativas das herdabilidades do efeito genético direto foram obtidas usando análise bicaracterística e encontrando-se valores de 0,27 para peso ao nascer; 0,18 para peso à desmama; 0,20 para peso aos 12 meses; e 0,19 para perímetro escrotal aos 12 meses. As correlações genéticas estimadas entre pesos obtidos em idades jovens com peso ao ano foram entre moderadas e baixas ($< 0,60$). A correlação genética obtida entre perímetro escrotal e características de crescimento foram, 0,04 com peso ao nascimento, $< 0,01$ com peso a desmama, indicando baixa associação entre as características e de 0,38 com peso aos 12 meses o que pode levar ao longo do tempo a proporcionar animais mais pesados aos 12 meses. A seleção com base em características de crescimento em qualquer idade pode promover ganhos genéticos moderados no peso corporal de animais do composto Montana Tropical em todas as idades avaliadas, inclusive nos pesos ao nascer e aos 12 meses. É importante considerar nas análises os pesos prévios à seleção para estimar parâmetros genéticos para pesos após a seleção. A análise bicaracterística é a mais indicada.

Palavras-chave: Análise bicaracterística; Correlação genética; Herdabilidade

Abstract

The main objectives of this study were: (1) evaluate different models of selection based on random effects maternal considered for growth traits and scrotal parameter; (2) estimate genetic parameters for weights from birth to adulthood (birth weight, weaning and 12 months old), scrotal parameters at 12 months; and (3) genetic correlations between traits for cattle compounds Tropical Montana, in univariate and two-trait. The characteristics of birth weight, weaning weight, weight at 12 months and the first scrotal at 12 months were analyzed using six models, which started from a model that had all the random effects for what had only the additive genetic effects of animals through nested models. Maternal effects were influential in the weights from birth to 12 months of age and weaning weight. The direct heritability estimates obtained from two-trait analyzes

were higher than those obtained using univariate models. We estimated the heritability of direct genetic effects, obtained using two-trait analysis and the values were: 0.27 for birth weight, 0.18 for weaning weight, 0.20 for weight at 12 months, and 0.19 for perimeter scrotal to 12 months. The genetic correlations estimated between weights obtained in young ages with weight per year were between moderate and low (≤ 0.60). The genetic correlation obtained between scrotal perimeter and growth characteristics were 0.04 with birth weight, 0.01 with weaning weight, indicating a low correlation between features and of 0.38 with weight at 12 months which could over time bring the heavier animals at 12 months. The selection based on growth characteristics at any age could promote moderate genetic gains in body weight of animal compost Tropical Montana at all ages evaluated, including the birth weight and age at 12 months. It's important to consider in the analysis the weights prior to selection to estimate genetic parameters for weights after selection. The two-trait analysis is more appropriate.

Keywords: Analysis two-traits; Genetic correlation; Heritability

3.1 Introdução

Nos últimos anos, o melhoramento genético de bovinos de corte vem assumindo importância cada vez maior. Isso tem resultado não só no aumento do número de programas que desenvolvem avaliação genética de diversos rebanhos, mas também, na maior valorização dos animais portadores de estimativas de diferenças esperadas na progênie (DEPs). O sucesso do melhoramento genético de bovinos se deve a combinação de fenótipo e informações de parentesco utilizadas para obtenção do melhor preditor não viesado (BLUP) dos valores genéticos considerando o modelo animal.

As características de natureza quantitativas são poligênicas sendo determinadas por vários pares de genes com pequeno efeito individual e sofrendo grande influência do ambiente. O valor fenotípico de um animal não demonstra diretamente o seu potencial genético, pois está sempre sofrendo influência do ambiente e da interação genótipo por ambiente (FALCONER, 1987). Para que o Brasil consiga atender às exigências de mercado, interno e externo, é necessária a busca de animais que tenham alto potencial de produção, precocidade e eficiência reprodutiva, além da alta capacidade de adaptação e resistência ao ambiente. Nesse contexto, o melhoramento genético animal é uma das ferramentas que permitem alcançar esses objetivos.

O cruzamento tem sido utilizado em diversas espécies de animais domésticos como forma de produzir carne, leite ou ovos. Esse termo é utilizado quando a produção de determinada geração de indivíduos envolve o acasalamento de duas ou mais raças. O cruzamento em gado de corte e, em outras espécies de animais explorados economicamente,

tem como consequências desejáveis a produção de heterose ou vigor híbrido, combinação de méritos genéticos de diferentes raças em um único indivíduo, e a possibilidade de incorporação de material genético desejável de forma rápida.

Em bovinos de corte, normalmente, para características de crescimento, os valores genéticos são preditos e os componentes de variância são estimados considerando o peso às idades-padrão como, por exemplo, nascimento, desmama, ano; ou os ganhos de peso entre estas idades utilizando-se análises uni, bi ou multicaracterísticas. Os programas de melhoramento genético mais tradicionais tem dado ênfase às características de desempenho ponderal e, atualmente, já se sabe que a utilização de características reprodutivas como critério de seleção é indispensável para a melhoria do sistema produtivo.

O perímetro escrotal (PE) vem sendo utilizado como critério de seleção, por ter correlações genéticas favoráveis com características de crescimento (KNIGHTS et al., 1984; BOURDON e BRINKS, 1986). Porém são escassos os trabalhos que mencionam herdabilidade para *Bos taurus* × *Bos indicus*, além do fato que o perímetro escrotal tem correlação com precocidade sexual que é uma característica de difícil mensuração, principalmente em condições extensivas (FRIES, 2003). Neste sentido, torna-se importante a utilização de características indicadoras de precocidade sexual, que tenham variabilidade genética adequada, que sejam de mensuração fácil, que tenham correlação genética favorável com a idade à puberdade e outras características economicamente importantes.

Deste modo, este trabalho tem como objetivo avaliar diferentes modelos de seleção com base nos efeitos aleatórios maternos considerados para características de crescimento e perímetro escrotal, estimar parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta (pesos ao nascer, a desmama e aos 12 meses de idade), perímetro escrotal aos 12 meses e correlações genéticas entre as características para bovinos compostos Montana Tropical, em análises uni e bicaracterísticas.

3.2 Material e Métodos

O projeto Montana (FERRAZ et al., 1999b) na formação de touros, busca as características essenciais à pecuária de corte brasileira, na qual o touro ideal deve ser geneticamente superior, sexualmente precoce, adaptado ao meio-ambiente tropical, apresentar longevidade em regime de campo e proporcionar heterose expressiva aos seus descendentes.

Por a formação dos bovinos compostos Montana Tropical ser feita assumindo-se os tipos biológicos (NABC) é assumido que a heterose existente nos cruzamentos entre animais de duas raças seja a mesma, ignorando a contribuição específica de cada raça. Tal suposição apresenta algumas desvantagens, entretanto, permite que o número de covariáveis seja reduzido e consequentemente evitando confundimentos entre os grupos de contemporâneos e as composições raciais. Dessa forma, as estimativas dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos apresentam menos viés (MOURÃO et al., 2007).

3.2.1 Preparação do banco de dados

As observações para o estudo foram obtidos do banco de dados gerenciado pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, referente aos animais compostos Montana Tropical nascidos entre 1994 e 2009, totalizando 312.352 observações. Esta população é caracterizada pela contribuição genética de diversas raças, que foram pré-agrupadas em função de suas origens genéticas, geográficas e das suas aptidões zootécnicas em quatro tipos biológicos, denominados pela sigla NABC (FERRAZ et al., 1999).

Foi realizado no banco de dados um processo de edição e análises de consistência, utilizando-se os softwares FoxPro[®] e o pacote estatístico SAS (SAS Institute Inc., Cary, NC. 2004). Para a edição dos arquivos, partiu-se de uma base de dados com informações referentes aos 312.352 animais com alguma medida válida, a partir do qual foram eliminadas as informações referentes aos animais:

- i) com pais ou mães desconhecidos ou filhos de reprodutor múltiplo (RM);
- ii) pertencentes aos grupos de contemporâneos (GCs) com menos de cinco animais com mensurações válidas e/ou pertencentes aos GCs em que os animais eram filhos de apenas um touro;
- iii) que pertenciam aos GCs compostos por apenas uma composição racial;
- iv) informações pertencentes aos animais com composição racial não compatível com as dos pais ou que excedessem mais de 5% de erro de uma ou mais frações da composição racial;

v) informações fora de amplitude aceitável, neste caso, que se apresentavam além de três desvios-padrão da características.

Os códigos dos grupos genotípicos avaliados e os critérios empregados para classificar os animais como pertencentes a um dos grupos genotípicos podem ser visualizados na Tabela 3.

Tabela 3 - Critérios para classificação dos animais em grupos genéticos de acordo com a composição racial do sistema NABC

Grupo genético	NABC	Condições necessárias
3/4	12 X X X	$60\% < N < 90\%$
	X 12 X X	$60\% < A < 90\%$
	X X 12 X	$60\% < B < 90\%$
	X X X 12	$60\% < C < 90\%$
Tropical [®]	4 4 4 4	$(18,75 < N < 31,25\%)$ e $(18,75 < A < 31,25\%)$ e $(18,75 < B < 31,25\%)$ e $(18,75 < C < 31,25\%)$
	4 4 8 0	$(18,75 < N < 31,25\%)$ e $(18,75 < A < 31,25\%)$ e $(43,75 < B < 56,25\%)$ e $(C < 6,25\%)$
	4 8 0 4	$(18,75 < N < 31,25\%)$ e $(43,75 < A < 56,25\%)$ e $(B < 6,25\%)$ e $(18,75 < C < 31,25\%)$
	4 8 4 0	$(18,75 < N < 31,25\%)$ e $(43,75 < A < 56,25\%)$ e $(18,75 < B < 31,25\%)$ e $(C < 6,25\%)$
	X X X X*	$(N < 37,25\%)$ e $(12,50 < A < 87,50\%)$ e $(B \leq 75\%)$ e $(C \leq 75\%)$ e $((N+A) \leq 25\%)$ e $((B+C) \leq 75\%)$
Puro	16 0 0 0	$N \geq 90\%$
	0 16 0 0	$A \geq 90\%$
	0 0 16 0	$B \geq 90\%$
	0 0 0 16	$C \geq 90\%$
F ₁	8 8 0 0	$(40 \leq N \leq 60\%)$ e $(40 \leq A \leq 60\%)$
	8 0 8 0	$(40 \leq N \leq 60\%)$ e $(40 \leq B \leq 60\%)$
	8 0 0 8	$(40 \leq N \leq 60\%)$ e $(40 \leq C \leq 60\%)$
Outros	X X X X	Composições que não atendem às condições anteriores

*Toda composição que não atenda às condições anteriores para Montana Tropical.

Algumas das informações existentes no banco de dados são: a identificação dos animais, pai e mãe, rebanho, data de nascimento, grupos de contemporâneos, heterozigoses diretas e maternas, e características de interesse tais como: peso ao nascimento (PN), peso a desmama aos 205 dias (PD), peso aos 12 meses (P12), perímetro escrotal aos 12 meses (PE12).

Os grupos de contemporâneos foram formados concatenando-se as informações de safra de nascimento, do sexo do animal, da fazenda e do grupo de manejo nas respectivas fases de mensuração. As estatísticas descritivas associadas com cada característica avaliada encontram-se na Tabela 4.

Tabela 4 - Estatísticas descritivas para as características peso ao nascimento - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm), os grupos genéticos biológicos no composto Montana Tropical

	N°	Min	Média	Máx	DP	CV(%)
PN	172914	23	32,67	42	4,13	12,64
PD	197044	97	198,7	297	36,61	18,42
P12	87844	130	271,25	410	51,62	5,92
PE12	33414	17,50	28,48	39,50	3,98	13,97

O número de grupos de contemporâneos foram 3026, 3027, 3927 e 3632 para peso ao nascimento, peso a desmama, peso aos 12 meses e para perímetro escrotal aos 12 meses, respectivamente. A estrutura geral do banco de dados analisado com relação a classe de idade da mãe ao parto são apresentados na Tabela 5.

Tabela 5 - Distribuição por faixa de idade (frequência absoluta - f_a e frequência percentual $f_p(\%)$) para cada classe de idade da mãe ao parto (CIMP)

Classe	Intervalo de idade (meses)	$f_a(f_p(\%))$
C_1	20 ─ 28	20475 (10,17)
C_2	28 ─ 42	46804 (23,24)
C_3	42 ─ 60	36765 (18,26)
C_4	60 ─ 120	78808 (39,14)
C_5	120 ─ 144	11047 (5,48)
C_6	144 ─ 157	4444 (2,20)
C_7	157 ─	3002 (1,49)

3.2.2 Análises unicaracterísticas e bicaracterísticas

As estimativas de componentes de (co)variância foram obtidas utilizando o programa ASREML (GILMOUR et al., 2009), para as características de crescimento (peso ao nascimento, peso a desmama (205 dias), peso aos 12 meses, perímetro escrotal aos 12 meses) utilizando a metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML) via algoritmo AI (*Average Information*) sob modelos uni e bicaracterísticas. Nos modelos foram usadas 440.037 informações disponíveis de pedigree no cálculo da matriz de par-

entisco. Os coeficientes de herdabilidade foram calculados como a razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica.

Os coeficientes de regressão referentes aos efeitos genéticos aditivos diretos relacionados aos tipos biológicos A (TBA), B (TBB) e C (TBC), aos efeitos genéticos aditivos maternos relacionados aos tipos biológicos A (TBAM), B (TBBM) e C (TBCM), e aos efeitos não aditivos das frações das heterozigoses direta ($N \times A$, $N \times B$, $N \times C$, $A \times B$, $A \times C$, $B \times C$) e materna total (HETMATNABC) também foram estimados. A covariável associada ao efeito aditivo direto e materno do tipo biológico N foi excluída do modelo para se remover a multicolinearidade ocasionada pela somatória das composições raciais se igualar a um (MOURÃO et al.; 2007). Assim sendo, as estimativas dos efeitos dos grupos adaptados, britânicos e continentais foram obtidas como desvios dos efeitos aditivos correspondentes ao tipo biológico N.

Inicialmente, foram realizadas análises univariadas, em que foram testados seis modelos para as diferentes características analisadas, que diferiram apenas quanto aos efeitos aleatórios, descritos como

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{p} + \epsilon \quad (\text{M1})$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2^*\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{p} + \epsilon \quad (\text{M2})$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \epsilon \quad (\text{M3})$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2^*\mathbf{m} + \epsilon \quad (\text{M4})$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_3\mathbf{p} + \epsilon \quad (\text{M5})$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \epsilon \quad (\text{M6})$$

Em termos matriciais, os modelos (M1-M6) que incluem todos os efeitos aleatórios e correlações até o modelo mais simples que inclui apenas os efeitos genéticos aditivos. É assumido para todos os modelos $E[\mathbf{y}] = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $E[\mathbf{u}] = \mathbf{0}$ e $E[\epsilon] = \mathbf{0}$; em que $\mathbf{u}$, $\mathbf{m}$ e $\mathbf{p}$ se distribuem com uma $NID(0, \sigma_u^2)$, $NID(0, \sigma_m^2)$ e $NID(0, \sigma_p^2)$, respectivamente. $\mathbf{X}$ é a matriz de incidência, associando os elementos de $\boldsymbol{\beta}$ a $\mathbf{y}$; $\mathbf{u}$ é o vetor de efeito aleatório genético aditivo direto; $\mathbf{m}$ é o vetor de efeito aleatório genético aditivo materno; $\mathbf{p}$ é o vetor de efeitos de ambiente permanente; $\mathbf{Z}_1$ é a matriz de incidência, associando os elementos de $\mathbf{u}$ a $\mathbf{y}$; $\mathbf{Z}_2$ é a matriz de incidência, associando os elementos de $\mathbf{m}$ a $\mathbf{y}$; $\mathbf{Z}_2^*$ é a matriz de incidência, associando os elementos de $\mathbf{m}$ a $\mathbf{y}$ com a seguinte restrição

$(\sigma_{am} = 0)$; $\mathbf{Z}_3$ e a matriz de incidência, associando os elementos de $\mathbf{p}$ a $\mathbf{y}$ e $\mathbf{e}$ o vetor de resíduos aleatórios.

O primeiro modelo de análise (M1) foi o mais completo incluindo todos os efeitos aleatórios estimados (efeitos genéticos direto, maternos e covariância entre direto e materno e os efeitos de ambiente permanente materno). Para o M2 foi assumida a pressuposição de correlação nula entre os efeitos genéticos direto e materno. Os modelos (M3) e (M4) não incluíram o efeito de ambiente permanente, sendo que, para o M3, não foi assumida correlação nula entre os efeitos genéticos direto e materno, já para M4, esta suposição foi considerada. O M5 incluiu apenas o efeito genético aditivo direto do animal como aleatório, desconsiderando-se qualquer influência genética materna, mas levando em consideração o efeito de ambiente permanente materno. O M6 incluiu apenas o efeito genético aditivo direto do animal.

Os efeitos fixos para os 6 modelos foram os mesmos e incluíram o grupo de contemporâneos e a classe da idade da mãe ao parto (CIMP), as covariáveis data juliana do animal (efeito linear, quadrático e cúbico), a idade a mensuração da característica (efeito linear) e as covariáveis associadas aos efeitos genéticos não aditivos das heterozigoses.

Uma vez realizadas as análises univariadas, foi empregado o critério de informação de Akaike (AIC) e o teste de razão de verossimilhança (TRV) para verificar a significância dos efeitos testados nos modelos para cada característica. No teste de razão de verossimilhança, definiu-se λ como a razão do máximo da função de verossimilhança no modelo reduzido (com menor número de parâmetros, $L(\theta_R)$) sobre o máximo da função de verossimilhança no modelo completo (com maior número de parâmetros, $L(\theta_C)$). Para grandes valores de n , a distribuição de $-2\text{Log}\lambda$ aproxima-se de uma distribuição qui-quadrado (χ^2), com k graus de liberdade (em que k representa a diferença entre o números de parâmetros estimados nos modelos completo e reduzido) e nível de 5% de significância (DOBSON, 1990).

Para a análise bicaracterística foi selecionado o melhor modelo da análise unicaracterística. Fixando-se a característica com maior número de observações como âncora (peso a desmama) para deste modo estimar com maior fidedignidade os componentes de variância.

O modelo geral para a análise bicaracterística pode ser escrito como:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_3 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{m}_1 \\ \mathbf{m}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_5 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{p}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

em que, $\mathbf{y}_i$ é o vetor de observações para a i -ésima característica, β_i é o vetor de efeitos fixos para a i -ésima característica, $\mathbf{a}_i$ é o vetor de efeitos aleatórios de animais para a i -ésima característica, $\mathbf{m}_i$ é o vetor de efeitos aleatórios maternos para a i -ésima característica e $\mathbf{p}_i$ é o vetor de efeitos de ambiente permanente materno para a i -ésima característica; $\mathbf{X}_i$ e $\mathbf{Z}_i$ são matrizes de incidência relacionando as observações da i -ésima característica aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente. Assume-se que,

$$Var \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ m_1 \\ m_2 \\ p_1 \\ p_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & g_{13}A & g_{14}A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & g_{23}A & g_{24}A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{31}A & g_{32}A & g_{33}A & g_{34}A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{41}A & g_{42}A & g_{43}A & g_{44}A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I_{Nm}c_{55} & I_{Nm}c_{56} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I_{Nm}c_{65} & I_{Nm}c_{66} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I_Nr_{77} & I_Nr_{78} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I_Nr_{87} & I_Nr_{88} \end{bmatrix}$$

sendo $\mathbf{G} = (g_{11}, \dots, g_{44})$ a matriz de variância e covariância genética aditiva e materna para o efeito animal com efeito materno, com cada elemento definido como g_{11} variância genética aditiva para os efeitos da característica 1; $g_{12} = g_{21}$ covariância genética aditiva entre as características; g_{22} variância genética aditiva para a característica 2; $g_{13} = g_{31}$ covariância entre efeitos diretos e maternos para a característica 1; $g_{14} = g_{41}$ é a covariância entre o efeito genético aditivo direto da característica 1 com o efeito genético materno da característica 2; $g_{23} = g_{32}$ é a covariância entre o efeito genético aditivo direto da característica 2 com o efeito genético materno da característica 1; $g_{42} = g_{24}$ covariância genética aditiva e materna para a característica 2; Os efeitos maternos são g_{33} , $g_{34} = g_{43}$, g_{44} , em que, g_{33} é a variância genética materna para a característica 1; $g_{34} = g_{43}$ é a covariância genética materna entre as duas características e g_{44} é a variância genética materna para a característica 2. O efeito de ambiente permanente materno é representado pela matriz C constituída pelos elementos c_{55} , $c_{56} = c_{65}$, c_{66} ; c_{55} o efeito de ambiente

permanente materno para a característica 1; $c_{56} = c_{65}$ é a covariância de ambiente permanente materna entre as características; c_{66} é o efeito de ambiente permanente materno para a característica 2. A matriz $\mathbf{R}$ de efeitos residuais de variância e covariância é composta pelos elementos r_{77} , $r_{78} = r_{87}$, r_{88} , sendo r_{77} a variância residual da característica 1; $r_{78} = r_{87}$ a covariância entre os efeitos residuais das duas características; e por fim r_{88} a variância residual da característica 2.

3.3 Resultados e Discussão

As comparações entre os modelos foram significativas para todas as características avaliadas (Tabela 6). No entanto, para PN os modelos M4×M1 e M3×M1 não diferiram ($P>0,05$) pelo TRV, porém ao se comparar o AIC dos modelos (M1 a M6) para PN, observou-se que o melhor modelo foi o M1 (Tabela 7). Assim, a decomposição do componente materno em genético aditivo e de ambiente permanente da mãe é necessária. Na literatura vários trabalhos indicam influência materna para grande parte das características pré-desmama (ALBUQUERQUE e MEYER, 2001; ELER, FERRAZ e DIAS, 2001; DIAS et al., 2005). O M1 foi o melhor modelo para descrever PD e PE12 quando comparado aos demais modelos, pelo TRV. O M1 obteve o maior valor de AIC para ambas as características (Tabela 7).

Para a característica P12 os modelos M2×M1, M3×M1, não diferiram ($P>0,05$) pelo TRV (Tabela 6), isto sugere que o modelo que considera a covariância entre efeito direto materno e o efeito de ambiente permanente como nulo (M3) é um modelo que pode ser considerado para análise. Dentre todos os modelos para P12 o menor valor de AIC foi encontrado para M1, indicando que o efeito de ambiente permanente materno apresentou alguma influência sobre esta característica. Ao se analisar em conjunto o AIC e o TRV, o modelo M1 foi o modelo escolhido. Segundo Meyer (1997), os modelos que não incluem os efeitos maternos conduzem a superestimativas de herdabilidade direta.

Os valores de h^2 para todos os modelos dentro de cada uma das características foram de 0,18 à 0,27 (Tabela 6), sendo que o M6 apresentou os maiores valores de h^2 , sugerindo que em todos os casos este modelo superestimou os valores de herdabilidade. Em relação à variação entre os valores da herdabilidade direta, entre os modelos para cada característica, observou-se variações na magnitude dos valores de herdabilidade (Tabela 6). Os resultados indicam que os efeitos maternos afetam o peso, inclusive

Tabela 6 - Estimativas de componentes de covariância e parâmetros genéticos obtidas a partir dos modelos em estudo, para as características peso ao nascimento - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm), em bovinos compostos *Bos taurus* × *Bos indicus*

Modelos	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_c^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	h^2 (E.P)	h_m^2 (E.P)	c^2 (E.P)	r_{am}	TRV	Valor P
PN (M1)	3,57	0,40	-0,26	0,40	9,12	13,30	0,27 (0,01)	0,03 (0,00)	0,03 (0,00)	-0,22	-	-
PN (M2)	3,09	0,33	-	0,40	9,36	13,40	0,23 (0,01)	0,02 (0,00)	0,02 (0,00)	-	(M2-M1)	0,0013
PN (M3)	3,30	0,68	-0,13	-	9,37	13,20	0,25 (0,01)	0,05 (0,00)	-	-0,08	(M3-M1)	1
PN (M4)	3,11	0,60	-	-	9,46	13,20	0,23 (0,00)	0,04 (0,00)	-	-	(M4-M1)	1
PN (M5)	3,48	-	-	0,60	9,18	13,20	0,26 (0,01)	-	0,04 (0,00)	-	(M5-M1)	< 0,0001
PN (M6)	4,51	-	-	-	9,00	13,50	0,33 (0,00)	-	-	-	(M6-M1)	< 0,0001
PD (M1)	105	56,90	-10,90	61	352	564	0,18 (0,01)	0,10 (0,00)	0,10 (0,00)	-0,14	-	-
PD (M2)	94	50,20	-	60	357	562	0,16 (0,00)	0,08 (0,00)	0,10 (0,00)	-	(M2-M1)	0,0045
PD (M3)	98,70	128	-23,30	-	366	569	0,17 (0,02)	0,22 (0,01)	-	-0,20	(M3-M1)	< 0,0001
PD (M4)	81,40	109	-	-	375	565	0,14 (0,00)	0,19 (0,00)	-	-	(M4-M1)	< 0,0001
PD (M5)	143	-	-	95,10	335	572	0,24 (0,00)	-	0,16 (0,00)	-	(M5-M1)	< 0,0001
PD (M6)	292	-	-	-	318	610	0,47 (0,00)	-	-	-	(M6-M1)	< 0,0001
P12 (M1)	183	26,90	11,30	4	498	723	0,25 (0,01)	0,03 (0,00)	0,00 (0,00)	0,16	-	-
P12 (M2)	201	30,10	-	6,70	489	727	0,27 (0,01)	0,04 (0,00)	0,00 (0,00)	-	(M2-M1)	0,0606
P12 (M3)	182	28,90	12,70	-	500	724	0,25 (0,01)	0,03 (0,00)	-	0,17	(M3-M1)	0,4463
P12 (M4)	200	35,20	-	-	492	727	0,27 (0,01)	0,04 (0,01)	-	-	(M4-M1)	0,0231
P12 (M5)	234	-	-	25	474	734	0,31 (0,01)	-	0,03 (0,00)	-	(M5-M1)	< 0,0001
P12 (M6)	273	-	-	-	471	744	0,36 (0,01)	-	-	-	(M6-M1)	< 0,0001
PE12 (M1)	1,85	0,46	-0,33	0,30	6,70	8,95	0,20 (0,02)	0,05 (0,01)	0,03 (0,01)	-0,35	-	-
PE12 (M2)	1,70	0,31	-	0,20	6,78	8,94	0,19 (0,02)	0,03 (0,01)	0,01 (0,01)	-	(M2-M1)	0,0119
PE12 (M3)	1,86	0,61	-0,27	-	6,78	8,98	0,18 (0,02)	0,06 (0,01)	-	-0,25	(M3-M1)	0,0482
PE12 (M4)	1,75	0,41	-	-	6,81	8,97	0,19 (0,02)	0,04 (0,00)	-	-	(M4-M1)	0,0054
PE12 (M5)	1,80	-	-	0,40	6,74	8,96	0,20 (0,02)	-	0,04 (0,01)	-	(M5-M1)	< 0,0001
PE12 (M6)	2,31	-	-	-	6,77	9,08	0,25 (0,02)	-	-	-	(M6-M1)	< 0,0001

$\hat{\sigma}_a^2$ - Variância genética aditiva direta; $\hat{\sigma}_m^2$ - Variância genética materna;

$\hat{\sigma}_{am}$ - Covariância genética entre efeito direto e materno; $\hat{\sigma}_c^2$ - Variância permanente de ambiente;

$\hat{\sigma}_e^2$ - Variância residual; $\hat{\sigma}_p^2$ - Variância fenotípica; h^2 - Herdabilidade direta;

h_m^2 - Herdabilidade materna; c^2 - proporção da variância fenotípica devida à variância permanente de ambiente;

r_{am} - correlação genética direta e materna; E.P - Erro padrão; TRV - Teste da razão de verossimilhanças

após o desmame, provavelmente pelo fato de que efeitos residuais permanecem após essa idade, influenciando, portanto, o crescimento dos animais. O modelo mais adequado para estimar parâmetros genéticos para os pesos ao nascer, à desmama e aos 12 meses de idade, e para perímetro escrotal aos 12 meses é o completo, aquele que inclui os efeitos aleatórios genético direto e materno e de ambiente permanente materno. Para a obtenção de parâmetros genéticos mais acurados para pesos após o desmame e perímetro escrotal aos 12 meses, é recomendável considerar os efeitos maternos no modelo de avaliação. Com exceção do peso aos 12 meses de idade, as estimativas de variância genética aditiva

Tabela 7 - Critério de informação de Akaike - AIC para as características de peso ao nascer - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal PE12 (cm) nos diferentes modelos avaliados

MODELOS	CRITÉRIO DE INFORMAÇÃO DE AKAIKE			
	PN	PD	P12	PE12
M1	-2731,27	-6551,37	-6735,47	-2731,27
M2	-2733,43	-6554,39	-6736,23	-2733,43
M3	-2732,22	-6786,34	-6735,76	-2732,22
M4	-2733,14	-6796,22	-6736,05	-2733,14
M5	-2740,93	-7066,39	-6776,52	-2740,93
M6	-2749,19	-8319,55	-6795,52	-2749,19

Figura 3- Componentes de variância estimados (genéticos aditivos, maternos, de ambiente permanente materno e residual) para peso ao nascer, a desmama e aos 12 meses por análises uni e bicaracterística

nas análises bicaracterísticas foram superiores às estimadas em análise unicaracterística (Figura 3). Na figura 4 observa-se que também a variância residual da análise unicaracterística foi maior que o valor da análise bicaracterística. Segundo Henderson (1986), as variâncias genéticas da população podem mudar com a seleção. Para Meyer (1995), o aumento da variância genética aditiva nas análises bicaracterísticas reflete a remoção do vício provocado pela seleção. Mercadante et al. (2004) e Bolington et al. (2009) obtiveram variância genética aditiva superior para os pesos à seleção em conjunto com o peso à idade adulta em análises bi e multicaracterísticas. Meyer et al. (1993) observaram aumento nas estimativas da variância genética aditiva em análises envolvendo três ou quatro pesos simultâneos, em relação à análise unicaracterística. Para perímetro escrotal e peso aos 12 meses a variância residual foi maior na análise bicaracterística (Tabela 8), resultado semelhante Bolington et al. (2009) encontraram para pesos a partir do sobreano. No entanto, Baldi et al. (2010) não encontraram diferença nos valores da análise uni e bicaracterística.

A variância do ambiente permanente materno apresentou valor máximo à desmama, e não houve diferença nas estimativas obtidas das análises uni e bicaracterísticas (Tabelas 6 e 8), semelhante ao resultado obtido por Baldi et al. (2010) para bovinos da raça Canchin. Após a desmama, a variância do ambiente materno diminuiu. O mesmo

comportamento encontraram Meyer et al. (1993) e Bolingon et al. (2009) para a variância do ambiente permanente materno. No caso da variância genética materna (Tabela 8), as estimativas obtidas da análises bicaracterística considerando-se PE12 e PN, foram superiores àquelas obtidas a partir da análise unicaracterística. A menor magnitude da variância genética materna obtida na análise bicaracterística para P12 provavelmente é consequência do viés causado pela seleção.

Figura 4 - Componentes de variância estimados (genéticos aditivos, maternos, de ambiente permanente materno e residual) para perímetro escrotal aos 12 meses por análises uni e bicaracterística

As estimativas de herdabilidade direta pelas análises bicaracterística foram maiores que as obtidas pelas análises unicaracterística (modelo M1), sendo recomendável na hora de estimar a herdabilidade para as características pós seleção, incluir os pesos anteriores de forma a diminuir o viés causado pela seleção. Para o efeito materno, as estimativas de herdabilidade foram de magnitudes baixas e semelhantes entre as análises uni e bicaracterísticas, sendo que a magnitude das herdabilidade maternas foram superiores na análise unicaracterística, na qual os menores valores de herdabilidade materna

estiveram associados a maiores valores de herdabilidade direta possivelmente em função do efeito da inclusão de peso a desmama e nas diferenças da partição da variância para cada modelo. Para o efeito de ambiente permanente materno os valores entre a análise uni e bicaracterística foram semelhantes, mas com menor magnitude para a análise bicaracterística, provavelmente devido a maior captação da variância genética direta pelo modelo bicaracterística e também da maior magnitude do componente residual para as análises bicaracterísticas.

Tabela 8 - Estimativas dos componentes de covariância e parâmetros genéticos obtidas pela análise bicaracterística a partir do modelo selecionado na análise univariada, para as características peso ao nascer - PN (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm), em bovinos compostos *Bos taurus* × *Bos indicus*

	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_c^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$h^2(E.P)$	$h_m^2(E.P)$	c^2	r_{am}
PN/PD	3,65	0,68	-0,38	0,32	9,08	13,34	0,27 (0,0144)	0,05 (0,0052)	0,02 (0,0040)	-0,24 (0,0580)
P12/PD	146,30	46,16	-0,48	4,71	516,00	712,69	0,20 (0,0123)	0,06 (0,0062)	0,00 (0,0008)	-0,58 (0,0686)
PE12/PD	1,81	0,82	-0,39	0,14	6,78	9,16	0,19 (0,0203)	0,08 (0,0143)	0,01 (0,0132)	-0,32 (0,1105)

$\hat{\sigma}_a^2$ - Variância genética aditiva direta; $\hat{\sigma}_m^2$ - Variância genética materna;

$\hat{\sigma}_{am}$ - Covariância genética entre efeito direto e materno; $\hat{\sigma}_c^2$ - Variância permanente de ambiente;

$\hat{\sigma}_e^2$ - Variância residual; $\hat{\sigma}_p^2$ - Variância fenotípica; h^2 - Herdabilidade direta;

h_m^2 - Herdabilidade materna; c^2 - proporção da variância fenotípica devida à variância permanente de ambiente;

r_{am} - correlação genética direta e materna; E.P - Erro padrão; TRV - Teste da razão de verossimilhanças

A análise bicaracterística permitiu estimar a correlação genética direta e materna entre todas as variáveis em estudo, o que faz com que o modelo bicaracterístico seja vantajoso. Considerando sempre peso a desmama como característica de referência, pela Tabela 9 tem-se todas as correlações genéticas estimadas pelo modelo bicaracterística, e na Tabela 10 as correlações de ambiente permanente materno. A quantificação das associações genéticas, permite estabelecer estratégias de melhoramento animal, monitorar a variabilidade genética para várias características e prever a evolução genética dos animais.

As correlações genéticas diretas obtidas pela análise bicaracterística foram positivas e de magnitude moderadas a baixas (Tabela 9), entre peso ao nascimento e peso aos 12 meses de (0,46), com uma tendência a diminuição em períodos subsequentes. Bolington et al. (2009) afirmam que a seleção tomada em idades mais jovens aumenta a chance de partos distócicos. As correlações genéticas estimadas entre peso a desmama e peso ao ano indicam que parte dos genes responsáveis por maiores pesos a desmama não são responsáveis por maiores pesos ao ano. Esses resultados diferem dos encontrados por Ferraz et al. (2002) e Bolington et al. (2008), em que a magnitude encontrada para estes estudos das correlações genéticas foram superiores. Os valores de correlação genética positiva para as idades sugerem que animais geneticamente superiores em determinada

idade deverão em grande parte ser superiores também em idades posteriores. Na comparação empírica dos modelos uni e bicaracterística utilizados para avaliar os pesos nas fases de crescimento, o modelo bicaracterístico parece ser o mais indicado. De modo geral, as correlações genéticas direta para pesos em idades jovens até idades mais avançadas, são de relevante valor prático, devido a correlação para maior peso em idades avançadas contribuir como resposta a seleção para maiores pesos em idades mais jovens, algo que é frequentemente feito em gado de corte (BOLINGON et al., 2009). Porém estes resultados reforçam a preocupação atual com o tamanho adulto de matrizes, pois segundo Meyer et al. (2004) e Mello et al. (2006) existe correlação genética baixa e desfavorável, entre peso e características reprodutivas. As correlações genéticas diretas entre perímetro escrotal

Tabela 9 - Correlações genéticas obtidas pela análise bicaracterística para as características de peso ao nascer - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm)

		Direto				Materno			
		PN	PD	P12	PE12	PN	PD	P12	PE12
Direto	PN	-	0,50	0,46	0,04	-0,24	-0,08	0,07	0,01
	PD	-	-	0,02	0,01	0,24	-0,20	0,69	-0,23
	P12	-	-	-	0,38	0,31	0,91	-0,58	0,06
	PE12	-	-	-	-	-0,21	-0,21	-0,08	-0,14
Materno	PN	-	-	-	-	-	0,34	0,28	0,30
	PD	-	-	-	-	-	-	0,26	0,75
	P12	-	-	-	-	-	-	-	0,45
	PE12	-	-	-	-	-	-	-	-

e peso do nascimento a desmama foi de baixa magnitude, o que indica que a parte dos genes responsáveis por maior perímetro escrotal não é responsável por maiores pesos nos períodos iniciais de vida do animal. Porém, entre perímetro escrotal e peso aos 12 meses a magnitude da correlação é maior. Na literatura o perimetro escrotal apresenta correlações genéticas favoráveis com idade ao primeiro parto (IPP), dias para o parto (DPP) e duração para a gestação (DG) (PEREIRA, ELER E FERRAZ, 2000). Estes resultados permitem a utilização do perímetro escrotal como critério de seleção para melhorar a eficiência reprodutiva das fêmeas, e além disso ao se selecionar para perimetro escrotal também se está selecionando para peso em idades pós desmama maiores.

As correlações de ambiente permanente com peso ao nascer, peso a desmama e peso aos 12 meses, indicam que os efeitos de meio favoráveis ao peso em determinada idade também contribuem para maior peso nas outras idades. As correlações genéticas

Tabela 10 - Correlações ambientais obtidas pela análise bicaracterística para as características de peso ao nascer - PN (kg), peso a desmama - PD (kg), peso aos 12 meses - P12 (kg) e perímetro escrotal - PE12 (cm)

		Permanente			
		PN	PD	P12	PE12
Permanente	PN	-	0,36	0,64	0,11
	PD	-	-	0,97	0,03
	P12	-	-	-	0,04
	PE12	-	-	-	-

entre as características de peso e perímetro escrotal, indicam que, em geral, a parte dos efeitos não aditivos que influenciam os pesos nas idades mensuradas não influenciam as outras (Tabela 10).

3.4 Conclusão

A seleção com base em características de crescimento pode promover ganhos genéticos significativos no peso corporal de animais do composto Montana Tropical, nas idades avaliadas. O modelo bicaracterístico, incluindo registros de pesos ao desmame, é o mais indicado para a avaliação genética das características pós-desmame.

Referências

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, Berlin, v.118, p.83-92, 2001.
- BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchin utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, p. 2409-2417, 443 2010.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.37, n.4, p.596-601, 2008.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009.
- BOURDON, R.M., BRINKS, J.S. Scrotal circumference in yearling Hereford bulls: adjustment factors, heritabilities and genetic, environmental and phenotypic relationships with growth traits. **Journal of Animal Science**, Albany, v.62, p.958-67. 1986.

DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990, 174p.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; DIAS, F. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas na raça Nelore. I- Fase pré-desmama. In: REUNIÓN DE LA ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 17., 2001, La Habana. **Proceedings...** Havana: ALPA, 2001a. 1. CD-ROM.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; DIAS, F. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas na raça Nelore. II -Fase pós-desmama. In: REUNIÓN DE LA ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 17., 2001, La Habana. **Proceedings...** Havana: ALPA, 2001b.1. CD-ROM.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. 3 ed. Harlow. Longman, 1987. 428p.

FERRAZ FILHO, P. B. RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, Curitiba, v.7, n.1, p. 65-69, 2002.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 23, n. 2, p. 111-113, 1999.

FERRAZ, J.B.S., ELER, J.P., GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.115-117, 1999b.

FRIES, L. A. Genética para um sistema de produção de ciclo curto. PATIÑO, H. O. e MEDEIRO, F. S., In: SIMPÓSIO DA CARNE BOVINA: DA PRODUÇÃO AO MERCADO CONSUMIDOR, 2003, São Borja. **Anais...**São Borja: UFRGS, 2003. p. 47-82.

GILMOUR, A. R.; CULLIS, B. R.; WELHAM, S. J.; THOMPSON, R. **ASREML. Reference Manual**. Orange: NSW Agriculture, 2000. 218p.

GILMOUR, A.R., GOGEL, B.J., CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. **ASReml User Guide Release 3.0**, Hemel Hempstead: VSN International Ltd. 2009. 372p.

HENDERSON, C. R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.63, n.1, p.208-216, 1986.

KNIGHTS, S.A., BAKER, R.L., GIANOLA, D. Estimates of heritabilities and of genetic and phenotypic correlations among growth and reproductive traits in yearling Angus bulls. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.58, n.4, p.887-93, 1984.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B.; GIANLORENÇO, V.K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.35, n.1, p.92-97, 2006.

MERCADANTE, M.E.Z.; RAZOOK, A.G.; TROVO, J.B.F.; CIRYLLO, J.N.S.G.; 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**, Viçosa, v.33, n.5, p.1135- 1144, 2004.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.44, p.125-137, 1995.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.52, p.187-199, 1997.

MEYER, K.; JOHNSTON, D.; GRASER, H. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, Victoria, v.55, p.195-210, 2004.

MEYER, K.; CARRICK, M.J.; DONNELLY, B.J.P. Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.71, p.2614-2622, 1993.

MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; BALIEIRO, J.C.C.; BUENO, R.S.; MATTOS, E.C.; FIGUEIREDO, L.G.G. Genetic parameters for growth traits of a Brazilian *Bos taurus* x *Bos indicus* beef composite. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 6, n. 4, p. 1190-1200, 2007.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Correlação Genética Entre Perímetro Escrotal e Algumas Características Reprodutivas na Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.6, p. 1676-1683, 2000.

SAS Institute inc. **SAS 9.1**. Cary, 2004.

4 COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA DADOS CATEGÓRICOS

Resumo

O objetivo deste trabalho foi comparar as estimativas de parâmetros genéticos obtidas em análises de modelos mistos uni e bicaracterísticas, bayesianas uni e bicaracterísticas e por modelos lineares generalizados mistos uni e bicaracterística, em modelo animal, considerando-se as características categóricas morfológicas de bovinos Montana Tropical. Os dados de musculosidade, precocidade e conformação foram obtidos entre 2001 e 2006. Totalizando 70451, 1747, 2875 e 197044 animais para musculosidade, precocidade, conformação e peso a desmama, respectivamente, sendo que a característica peso a desmama foi avaliada entre 1994 e 2009. Os animais recebiam escores que os classificavam em notas de 1 a 6, sendo 6 a nota que representa o grau mais favorável. Houve diferença entre os modelos bicaracterística linear, limiar e o modelo linear generalizado misto, na obtenção de estimativas de herdabilidades e correlações genéticas, de características categóricas morfológicas multinomiais. As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos por modelo de limiar-linear foram superiores aos demais métodos avaliados, com valores de 0,42; 0,37 e 0,25 para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses, e as correlações genéticas estimadas em conjunto com peso a desmama para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses foram 0,89; 0,22 e 0,83 respectivamente. Os escores visuais de conformação, precocidade e musculatura aos 12 meses podem responder rapidamente à seleção individual.

Palavras-chave: Modelos mistos; Características morfológicas; Bayesiana

Abstract

The aim of this study was to compare genetic parameters estimatives obtained in analyzes of single and two-trait mixed models, Bayesian single and two-trait models and generalized linear mixed single and two traits in an animal model, considering the categorical morphological traits of bovine Montana Tropical. Data of muscling, precocity and conformation were obtained from 2001 to 2006, totaling 70,451; 1,747; 2,875 and 197,044 animals for muscling, precocity, conformation and weaning weight, respectively, and the trait weaning weight was measured from 1994 to 2009. The animals received scores classified in grades from 1 to 6, as 6 as the one which represents the most favorable. Bayesian analyzes were performed uni-and two-trait in linear and threshold models. There was difference between the threshold and linear model and generalized linear mixed model, for obtaining heritability estimatives and genetic correlations of morphological multinomial categorical traits. Genetic parameters estimated by linear-threshold model were superior to other methods evaluated, with values of 0.42, 0.37 and 0.25 for muscling, precocity, conformation to 12 months, and the genetic correlations estimated with weaning weight for muscling, precocity, conformation at 12 months were 0.89, 0.22 and 0.83 respectively. The visual scores of conformation, precocity and muscling at

12 months can respond quickly to individual selection.

Keywords: Mixed models; Morphological characteristics; Bayesian

4.1 Introdução

Características morfológicas de conformação de bovinos de corte têm despertado grande interesse de criadores e pesquisadores. Cada vez mais estudos têm sido realizados para verificação de quais são os fatores genéticos e ambientais que afetam estas características, bem como o quanto estas características são herdáveis (FARIA et al., 2008). A seleção para estas características pode obter resultados favoráveis de acordo com os trabalhos (DAL FARRA et al., 2002; KIPPERT et al., 2006, KOURY FILHO et al., 2009). Os escores visuais têm sido utilizados com o objetivo principal de identificar indivíduos com maior precocidade de terminação, melhor musculatura e conformação frigorífica, e sem tamanho excessivo na maturidade (FARIA et al., 2009). A escolha correta dos métodos de estimação está intrínsecamente ligada ao sucesso dos escores visuais como critérios de seleção e a correta quantificação dos fatores genéticos e ambientais. O método de estimação é um fator importante na obtenção dos parâmetros genéticos, com o estabelecimento de um modelo que descreva corretamente os dados.

Na literatura, os modelos lineares mistos têm sido mais utilizados do que os modelos limiares na estimação de parâmetros genéticos, devido a facilidade de aplicação e pelo tempo computacional gasto. Ambos os modelos tem sido amplamente estudados por Weigel et al. (2000), Cardoso et al. (2001) e Kippert et al. (2006). No entanto, devido a natureza discreta dos dados e o pequeno número de categorias, estes modelos não são apropriados para captar a magnitude dos parâmetros genéticos, levando a conclusões equivocadas do ganho genético dessas características.

Gianola e Foulley (1983) desenvolveram o modelo de limiar (*threshold model*) para avaliação genética de dados categóricos sobre abordagem bayesiana, sendo ampliadas posteriormente para análise bicaracterística por Van Tassell et al. (1998), tornando possível a análise conjunta de dados contínuos e categóricos. Segundo Sorensen et al. (1995) o modelo de limiar analisa uma variável latente (subjacente) contínua em contrapartida a uma variável discreta, e as estimativas referentes a uma determinada categoria são observadas se os valores da escala subjacente estiverem localizados entre os limiares que definem essa categoria (FARIA et al., 2008). Assim, a distribuição de

probabilidade das estimativas, para dados categóricos, depende da posição da média da distribuição subjacente contínua, em relação aos limiares fixos. Vários estudos foram desenvolvidos recentemente envolvendo a avaliação genética de características categóricas em bovinos de corte (ELER et al., 1996; VARONA et al., 2009; BARRICHELO et al., 2010; KOURY FILHO et al. 2010), entretanto são raros os trabalhos que avaliem estas características em populações compostas.

Outra abordagem possível é por meio dos modelos lineares generalizados mistos, teoria proposta por Nelder e Wedderburn (1972) e utilizada por Gilmour et al. (1985), Lee e Nelder (1996).

O objetivo deste trabalho foi comparar as estimativas de parâmetros genéticos, obtidas por modelos mistos uni e bicaracterísticas, bayesianos uni e bicaracterísticas, em modelo animal linear e de limiar, e modelos lineares generalizados mistos em análises uni e bicaracterística, quanto às características categóricas morfológicas de bovinos de corte Montana Tropical.

4.2 Material e Métodos

Foram estudadas as características categóricas morfológicas musculosidade, precocidade e conformação em análises univariadas e em análises bivariadas em conjunto com a característica contínua peso a desmama (peso aos 205 dias), em bovinos Montana Tropical. As informações das características morfológicas foram obtidas entre 2001 e 2006. Totalizando 70451, 1747, 2875, 197044 animais para musculosidade, precocidade, conformação e peso a desmama, respectivamente, sendo que a característica peso a desmama foi avaliada entre 1994 e 2009. Os animais recebiam escores que os classificavam em notas de 1 a 6, sendo 6 a nota que representa o grau mais favorável. Na Tabela 11, está apresentada a distribuição dos escores em percentagem para cada característica morfológica. Nessa tabela, percebe-se que a distribuição dos escores não apresentam simetria, bem como para precocidade aos 12 meses a categoria 1 não apresentou mais que um valor mensurado (0,00%).

Para que se aproximasse aos valores mensurados anteriormente para as variáveis foi feita a estruturação e a análise da consistência do banco de dados, por meio do *software* FoxPro® e o SAS (SAS Institute, 2004). Partiu-se de um banco de dados inicial (informações de 312.352 indivíduos) com o número de avaliações distintas para

Tabela 11 - Distribuição (%) por escore das características musculosidade (M), precocidade (P) e conformação (C), em bovinos Montana Tropical

Característica	Escore					
	1	2	3	4	5	6
M	1,04	3,99	19,04	31,68	30,94	13,35
P	0,00	2,01	18,19	29,12	38,13	12,06
C	34,95	3,33	7,37	16,17	28,03	10,12

cada característica em estudo; e posteriormente a obtenção do banco de dados foi feita a análise de consistência, onde eliminaram-se observações em que não se encontravam em acordo com os seguintes itens.

- i) com pais ou mães desconhecidos ou filhos de reprodutor múltiplo (RM);
- ii) pertencentes aos grupos de contemporâneos (GCs) com menos de vinte animais com mensurações válidas e/ou pertencentes ao GCs em que os animais eram filhos de apenas um touro;
- iii) que pertenciam aos GCs composto por apenas uma composição racial;
- iv) informações pertencentes aos animais com composição racial não compatível com as dos pais ou que excedessem mais de 5% de erro de uma ou mais frações da composição racial;
- v) informações fora de amplitude aceitável, neste caso, que se apresentavam além de três desvios das características.

Algumas das informações existentes no banco de dados são: a identificação dos animais, pai e mãe, rebanho, data de nascimento, grupos de contemporâneos, as características de interesse tais como: musculosidade, precocidade, conformação aos 12 meses; e peso a desmama (205 dias), dentre outras características, além das heterozigotes diretas e maternas baseados nos tipos biológicos do sistema NABC. Os grupos de contemporâneos foram formados concatenando-se as informações de safra de nascimento, do sexo do animal, da fazenda e do grupo de manejo nas respectivas fases de mensuração.

O número de grupos de contemporâneos foram de 3817 para escore de musculosidade, precocidade e conformação, e de 3927 para peso a desmama. Os coeficientes percentuais médios utilizados para a estimação dos efeitos genéticos aditivos diretos e

maternos associados às participações genéticas de cada grupo biológico do sistema NABC e, aos genéticos não aditivos das heterozigoses diretas e maternas encontram-se na Tabela 12.

Tabela 12 - Estatística descritiva das características musculosidade (M), precocidade (P) conformação (C), peso a desmama (PD) e dos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos para cada grupo biológico do sistema NABC

	Nº de observações	Mínimo	Média	Máximo	DP	CV(%)
M	70451	0	4,27	6	1,11	25,99
P	1747	0	4,38	6	0,99	22,60
C	2875	0	3,29	6	1,88	57,14
PD	197044	97	198,7	297	36,61	18,42

4.2.1 Modelos

Foram aplicadas três metodologias para analisar os dados, a primeira por meio de modelos mistos (sem utilização de transformação de dados), a segunda considerando modelo de limiar com abordagem bayesiana e a última por meio de modelos lineares generalizados mistos, todas considerando os mesmos efeitos fixos em um modelo animal.

Na aplicação dos modelos mistos as estimativas de componentes de (co)variância foram obtidas utilizando o programa ASREML (GILMOUR et al., 2009), para as características utilizando a metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML) via algoritmo AI (*Average Information*) sob modelos uni e bicaracterísticas. Nos modelos foram usadas 440.037 informações disponíveis de pedigree no cálculo da matriz de parentesco. Foram realizadas análises univariadas para musculosidade, conformação, precocidade, e análises bicaracterísticas considerando peso a desmama como característica base. A inclusão do peso a desmama na análise das características pós-desmama contribui para uma diminuição dos efeitos dos descartes de bezerros, realizados nesta fase. Todos os animais da safra são pesados e medidos e são considerados na análise, ou seja, não é permitido o controle seletivo.

Para as características analisadas em todas as metodologias aplicadas considerou-se como efeitos fixos, os grupos de contemporâneos, a idade na data da coleta como covariável (efeito linear), classe da idade da mãe ao parto (CIMP), data juliana (efeito linear, quadrático e cúbico), os coeficientes de regressão referentes aos efeitos

genéticos aditivos diretos relacionados aos tipos biológicos A (TBA), B (TBB) e C (TBC), aos efeitos genéticos aditivos maternos relacionados aos tipos biológicos A (TBAM), B (TBBM) e C (TBCM), e aos efeitos não aditivos das frações das heterozigoses direta ($N \times A$, $N \times B$, $N \times C$, $A \times B$, $A \times C$, $B \times C$) e materna total (HETMNATNABC) também foram estimados. A covariável associada ao efeito aditivo direto e materno do tipo biológico N foi excluída do modelo para se remover a multicolinearidade ocasionada pela somatória das composições raciais se igualar a um (MOURÃO et al., 2007). As estimativas dos efeitos dos grupos adaptados, britânicos e continentais foram obtidas como desvios dos efeitos aditivos correspondentes ao tipo biológico N . O modelo inclui como efeito aleatório apenas os efeitos genéticos aditivos e pode ser descrito como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \boldsymbol{\epsilon},$$

em que $\mathbf{y}$ é o vetor das observações (características categóricas ou contínuas); $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos; $\mathbf{u}$ é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal; $\boldsymbol{\epsilon}$ é o vetor de efeitos aleatórios residuais; e $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ são as matrizes de incidência, que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos. Considerou-se que $E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $Var(\mathbf{u}) = \mathbf{A} \otimes \sum_{\mathbf{a}}$ e $Var(\boldsymbol{\epsilon}) = I_N \otimes \sum_e$ em que: $\sum_a$ é a matriz de covariâncias genéticas aditivas; $\sum_e$ é a matriz de covariâncias residuais; $\mathbf{A}$ é a matriz de parentesco; I a matriz identidade; N o número de animais com registros; e $\otimes$ denota o produto direto entre as matrizes.

O modelo geral para a análise bicaracterística pode ser escrito como:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix},$$

em que $\mathbf{y}_i$ é o vetor de observações para o i -ésima característica, $\boldsymbol{\beta}_i$ é o vetor de efeitos fixos para a i -ésima característica, $\mathbf{a}_i$ é o vetor de efeitos aleatórios de animais para a i -ésima característica; $\mathbf{X}_i$ e $\mathbf{Z}_i$ são matrizes de incidência relacionando as observações da

i -ésima característica aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente. Assume-se que,

$$Var \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_N r_{33} & I_N r_{34} \\ 0 & 0 & I_N r_{43} & I_N r_{44} \end{bmatrix}$$

sendo $\mathbf{G} = (g_{11}, \dots, g_{22})$ a matriz de variância e covariância genética aditiva para o efeito animal, com cada elemento definido como g_{11} variância genética aditiva para os efeitos da característica 1; $g_{12} = g_{21}$ covariância genética aditiva entre ambas as características; g_{22} variância genética aditiva para a característica 2. A matriz $\mathbf{R}$ de efeitos residuais de variância e covariância é composta pelos elementos r_{33} , ($r_{34} = r_{43}$), r_{44} , sendo r_{33} a variância residual da característica 1; $r_{34} = r_{43}$ a covariância entre os efeitos residuais das duas características; e por fim r_{44} a variância residual da característica 2.

Para a estimação dos parâmetros genéticos por meio das análises bayesianas uni e bicaracterísticas, os parâmetros genéticos das características morfológicas e peso a desmama foram estimados utilizando-se o software THRGIBBS1F90 (MISZTAL et al., 2002), que permite análise uni e bicaracterística limiar e limiar-linear, respectivamente.

Para o modelo de limiar, considera-se que a escala subjacente apresenta distribuição contínua normal, denotada por $\mathbf{U}|\theta \sim \mathbf{N}(\mathbf{W}\theta, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, em que, $\mathbf{U}$ é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta = (\beta', \mathbf{u}')$ é o vetor de parâmetros de locação de ordem r , com β definido sob o ponto de vista frequentista como efeitos fixos e ordem s , com $\mathbf{u}$ efeito genético aditivos diretos; $\mathbf{W}$ é a matriz de incidência conhecida, de ordem $\mathbf{r}$ por $\mathbf{r}$ e σ_e^2 é a variância residual.

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, em que são fixados valores iniciais de limiares:

$$t_1 < t_2 < \dots < t_{j-1}, \text{ com } t_0 \rightarrow -\infty \text{ e } t_j \rightarrow \infty$$

em que j é o número de categorias. Os dados observáveis são dependentes da variável subjacente, que é limitada entre dois limiares não observáveis (GIANOLA e FOULLEY, 1983). Assim, os escores de y_i , para cada animal i são definidos por U_i , na escala subja-

cente, para $i = 1, \dots, n$:

$$y_1 = t_0 < U_i \leq t_1;$$

$$y_2 = t_1 < U_i \leq t_2;$$

$$y_3 = t_2 < U_i \leq t_3;$$

$$y_4 = t_3 < U_i \leq t_4;$$

$$y_5 = t_4 < U_i \leq t_5;$$

$$y_6 = t_5 < U_i \leq t_6;$$

em que n é o número de observações. Após as especificações dos limiares t_0 a t_6 , é necessário que dois limiares sejam ajustados a constantes arbitrárias. Neste estudo, considerou-se $t_1 = 0$ e $t_2 = 1$, tal que o vetor de limiares estimáveis foi definido como $t' = (t_3, t_4, t_5)$.

Nas análises bicaracterísticas que contêm variáveis categóricas e contínuas, de acordo com o enfoque bayesiano, os vetores β e $\mathbf{u}$ são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $\mathbf{y}|\beta, \mathbf{u}$. Foi considerado, a princípio, que β tem uma distribuição uniforme que reflete um conhecimento prévio e vago sobre esse vetor. Ao componente genético aditivo direto foi atribuída uma distribuição Wishart. Assim, a distribuição de $\mathbf{y}$, dados os parâmetros de locação e escala, foi considerada como:

$$\mathbf{y}|\beta, \mathbf{u} \sim \mathbf{N}[\mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\mathbf{u}, \mathbf{I}_N\mathbf{R}]$$

(CANTET et al., 1992; VAN TASSELL e VAN VLECK, 1996).

Nas análises unicaracterísticas por meio da implementação da amostragem de Gibbs foram originadas para musculosidade cadeias com comprimento 1.486.980 iterações, os 20.000 primeiras iterações foram descartados por se tratar do período de aquecimento da cadeia (*burn-in*), para evitar autocorrelação dos valores sortearam-se amostras a cada 180 iterações (*thin*), levando ao final a um tamanho amostral de 8150 observações da *posteriori*. Para precocidade o tamanho da amostra foi de 1.500.000 iterações com 1500 considerados de *burn-in*, a cada 100 iterações (*thin*) armazenavam-se os valores para compor a amostra, resultando em 14850 observações. Realizaram-se 4.000.000 de iterações para gerar a cadeia a *posteriori* de conformação, destas 25.000 foram descartadas

(*burn-in*), sortearam-se a cada 100 amostras (*thin*) para formar a amostra a *posteriori*, tendo ao final 39.750 valores. Para a análise bicaracterística formaram-se 500.000 iterações para musculosidade e conformação em análise bivariada em conjunto com peso a desmama, em que os primeiros 50.000 (10%) foram descartados (*burn-in*). As amostras foram armazenadas a cada 150 iterações (*thin*), resultando em uma amostra final de 3.000 observações, para conformação 664.800 iterações com os 50.000 primeiros sendo descartados (*burn-in*) e o intervalo entre os iterações de 300 (*thin*), resultando em 2.050 valores amostrados da *posteriori*. O período de descarte e o intervalo de amostragem foram estabelecidos empiricamente e por meio do teste Raftery e Lewis (1992), implementado no pacote Boa (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2012). A convergência foi verificada com a inspeção gráfica, valores amostrais *vs* iterações, e com o critério proposto por Geweke (1992). Para todas as características, as médias das variâncias a *posteriori*, em cada uma das análises bicaracterísticas, foram usadas para a estimação da herdabilidade média a *posteriori*.

As variáveis musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses, foram também estudadas sobre a ótica de uma distribuição bernoulli em um modelo linear generalizado misto. Adotou-se a convenção que animais com escore de musculosidade > 3 recebiam o valor 1 (53.567 animais) e animais com escore de musculosidade < 4 recebiam o valor 0 (16.940 animais) bem como animais que com escore de precocidade > 3 recebiam o valor 1 (1.381 animais) e com escore < 4 recebiam o valor 0 (366 animais), além dos animais com escore de conformação > 3 recebiam o valor 1 (1.562 animais) e dos animais com escore < 4 recebiam o valor 0 (1.313 animais).

Matricialmente as análises genéticas para os modelos lineares generalizados foram conduzidas baseadas no seguinte modelo,

$$\boldsymbol{\eta} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} \quad (67)$$

em que, $\boldsymbol{\eta}$ é o preditor linear; $\mathbf{X}$ é a matriz de incidência dos efeitos fixos, associando os elementos de $\boldsymbol{\beta}$ e $\boldsymbol{\eta}$; $\mathbf{Z}$, é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios, associando os elementos de $\mathbf{u}$ e $\boldsymbol{\eta}$; $\mathbf{u}$ é o vetor de efeitos aleatórios aditivos diretos. As variáveis preditoras ou explicativas são expressas como uma combinação linear dos seus efeitos ($\eta = x'_i\boldsymbol{\beta} + z'_i\mathbf{u}$),

a função de ligação relaciona a média e uma combinação linear das variáveis preditoras.

$$\begin{aligned} E(y_i) &= \mu_i \\ \eta_i &= g(\mu_i) = X\beta + Zu \Rightarrow \mu_i = g^{-1}(\eta_i), \end{aligned}$$

em que $g(\cdot)$ é a função de ligação logit, y_i é a i -ésima observação da variável resposta categórica, então,

$$\begin{aligned} \eta_i &= \log\left(\frac{\mu_i}{1 - \mu_i}\right) \\ g(\mu_i) &= \log\left(\frac{\mu_i}{1 - \mu_i}\right) = X\beta + Zu \end{aligned}$$

As estimativas de componentes de (co)variância foram obtidas através do procedimento de PQL sob o modelo linear generalizado misto definido anteriormente, utilizando o programa ASREML, para as características categóricas (GILMOUR et al., 2009) e por meio da metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML) para as características contínuas.

Para modelos lineares generalizados mistos utilizou-se o método de quasi-verossimilhança penalizada ou PQL (BRESLON e CLAYTON, 1993). A técnica é também conhecida por outros nomes, incluindo como técnica de Shall (SCHALL, 1991), pseudo-verossimilhança (WOLFINGER e O'CONNELL, 1993) e Maximização conjunta (HARVILLE e MEE, 1984; GILMOUR et al., 1985). Sendo implementada em muitos pacotes estatísticos, por exemplo, procedimento GLMM (WELHAM, 2005) e no procedimento IRREML do Genstat (KEEN, 1994), no MLwiN (GOLDSTEIN et al., 1998), na macro GLMMIXED do SAS e na função GLMMPQL, do *software* estatístico R. A técnica de PQL é baseada na expansão em série de Taylor de 1º ordem para a verossimilhança.

4.3 Resultados e Discussão

Foram realizadas análises para checar a convergência das cadeias obtidas pelo modelo de limiar. Na tabela 13 encontram-se os valores de autocorrelação das cadeias geradas para os parâmetros, que indicam o grau de relacionamento entre as observações geradas pelo amostrador de Gibbs, os valores da tabela sugerem a presença de autocorrelação. Segundo Nogueira et al. (2004) o maior problema em se utilizar amostras com

presença de autocorrelação entre os valores é que a estimativa do erro padrão da média será viesada. Carlin et al. (1998) comentam que as estimativas provindas de um processo Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC) apresentam erros de Monte Carlo que, apesar de pequenos, não devem ser ignorados.

Tabela 13 - Valores de autocorrelação para cada parâmetro pela análise unicaracterística em modelo de limiar para as variáveis musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em bovinos Montana Tropical

	Lag1	Lag5	Lag10	Lag50
Musculosidade				
thr3	0,0756	0,0104	0,0040	0,0096
thr4	0,1051	0,0153	-0,0103	0,0006
thr5	0,1258	0,0195	-0,0136	0,0019
$\hat{\sigma}_a^2$	0,8804	0,5094	0,2434	0,0067
$\hat{\sigma}_e^2$	0,0933	0,0045	-0,0211	0,0003
Precocidade				
thr3	0,0148	0,00143	0,0022	0,0065
thr4	0,0285	-0,0005	0,0080	-0,0008
thr5	0,0191	-0,0000	0,0057	-0,0067
$\hat{\sigma}_a^2$	0,9463	0,7831	0,6588	0,3092
$\hat{\sigma}_e^2$	0,0458	0,0319	0,0251	0,0099
Conformação				
thr3	0,0813	-0,0016	0,0009	-0,0000
thr4	0,1067	0,0040	0,0006	0,0028
thr5	0,1107	0,0035	0,0061	0,0075
$\hat{\sigma}_a^2$	0,8434	0,4531	0,2077	-0,0127
$\hat{\sigma}_e^2$	0,1237	-0,0016	0,0016	0,0077

A autocorrelação é sempre um problema no amostrador de Gibbs e um dos meios de atenuá-la é com a adoção do salto (*thin*). O valor k conhecido com *thin* em inglês, deve-se ao fato deste procedimento "emagrecer" a amostra. Assim, a amostra será formada pelos valores formados da cadeia a cada k -ésima iteração após o período de aquecimento. A determinação do valor *thin*, foi por meio do critério de Raftery e Lewis. Inicialmente, foi gerada uma cadeia piloto com 1000 observações e realizado o critério que é calculado com os parâmetros pré-especificados: acurácia = $\pm 0,02$, probabilidade = 0,90 e quantil = 0,025. Para o cálculo desta amostra piloto foi utilizada a saída do amostrador de Gibbs na íntegra (sem descarte do período de aquecimento). Os resultados do critério de Raftery e Lewis, foram utilizados para calcular a amostra ideal (tamanho da amostra, *thin* e *burn-in*), apesar da aplicação do critério de Raftery e Lewis, a presença de autocorrelação nos parâmetros não foi eliminada. A autocorrelação também pode ser um

indício de falta de convergência da cadeia, por isso aplicou-se o teste de Geweke (1992) para verificar a convergência da cadeia (Tabela 14), e percebe-se pela aplicação do critério de Geweke que não existe evidência de não convergência para as características avaliadas ($P > 0,05$).

Tabela 14 - Diagnóstico de convergência de Geweke pela análise em um modelo de limiar unicaracterística para a variável musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em bovinos Montana Tropical

	thr3	thr4	thr5	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
Musculosidade					
Escore Z	1,95	1,82	1,73	0,81	1,77
Valor P	0,05	0,06	0,08	0,41	0,07
Precocidade					
Escore Z	0,93	0,13	0,05	0,26	-0,85
Valor P	0,34	0,88	0,95	0,79	0,39
Conformação					
Escore Z	-0,03	0,01	-0,37	0,38	-0,04
Valor P	0,97	0,98	0,70	0,70	0,96

Após a avaliação dos critérios de convergência, geraram-se as densidades *a posteriori* das estimativas das variâncias genéticas aditivas e residuais para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses, que estão apresentadas nas figuras 5, 6 e 7. Por meio destas figuras é possível detectar o comportamento dos componentes de variância estimados quanto a simetria das medidas. Para precocidade aos 12 meses, os componentes genéticos aditivos (Figura 6) apresentaram assimetria a direita assim como os residuais (Figura 7) para conformação aos 12 meses.

Na Tabela 15, percebe-se que os erros de Monte Carlo para as estimativas pontuais dos componentes de variância são pequenos ($< 0,01$), indicando que as estimativas dos componentes foram precisas, a média e a mediana foram próximas (Tabelas 15 e 16). O intervalo de credibilidade apresentou uma considerável amplitude, principalmente para a variável musculosidade aos 12 meses. Um dos possíveis motivos para isto, é que o tamanho da amostra efetiva (considerados o *burn-in* e o *thin*) da distribuição *a posteriori* da variável musculosidade ser pequena se comparada ao tamanho da amostra efetiva das outras variáveis.

Figura 5 - Distribuição *a posteriori* para a variância genética aditiva e ambiental de musculidade aos 12 meses

Figura 6 - Distribuição *a posteriori* para a variância genética aditiva e ambiental de precocidade aos 12 meses

Figura 7 - Distribuição a *posteriori* para a variância genética aditiva e ambiental de formação aos 12 meses

O intervalo de maior densidade a *posteriori* para os parâmetros foi de menor amplitude se comparado ao intervalo de credibilidade, isto para todos os parâmetros e todas as variáveis analisadas (Tabela 15).

Procedeu-se ainda uma análise por meio de modelos lineares generalizados mistos (MLGM) por meio de abordagem clássica (MM) e outra por modelos mistos clássicos em que para o erro é feita a suposição de distribuição normal. As estimativas dos parâmetros pelos 3 métodos encontram-se na tabela (16). Compararam-se os valores obtidos para os componentes genéticos diretos por meio de modelos mistos e por modelos lineares generalizados mistos com os valores obtidos pelo modelo de limiar (ML), percebe-se que os valores para os componentes genéticos diretos pela análise sob modelo de limiar e modelo misto foram de mesma magnitude, em contrapartida com a análise via modelos lineares generalizados mistos, em que o componente de variância genético direto foi superior ao menos 2 vezes. Um dado que merece atenção é o valor do componente genético aditivo de musculosidade aos 12 meses pelos modelos mistos e de limiar, ambos proporcionalmente foram iguais (0,09 e 0,94 respectivamente), pois as estimativas dos componentes residuais para ambos os modelos nesta variável diferiram na mesma proporção.

De forma geral o componente de variância residual estimado entre as análises unicaracterística e bicaracterísticas foram iguais, entre os modelos mistos e de limiar,

Tabela 15 - Intervalo de credibilidade e intervalo de máxima densidade a *posteriori* (HPD) das estimativas dos componentes de variância e limiares (*thresholds*) obtidas pela análise unicaracterística para as variáveis musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em bovinos compostos Montana Tropical

	EMC	0,025	0,50	0,975	Amostra	0,025	0,975
	Intervalo de credibilidade					HPD	
Musculosidade							
thr3	0,00	2,71	7,68	12,31	8150	2,84	12,35
thr4	0,00	4,21	10,01	14,13	8150	4,54	14,31
thr5	0,00	5,26	12,33	15,47	8150	6,29	15,86
$\hat{\sigma}_a^2$	0,00	0,41	0,95	1,40	8150	0,44	1,42
$\hat{\sigma}_e^2$	0,00	0,81	5,60	9,23	8150	0,49	8,75
Precocidade							
thr3	0,00	1,00	1,02	1,08	14850	1,00	1,06
thr4	0,00	1,01	1,05	1,11	14850	1,01	1,06
thr5	0,00	1,03	1,07	1,15	14850	1,02	1,14
$\hat{\sigma}_a^2$	0,00	0,00	0,00	0,00	14850	0,00	0,00
$\hat{\sigma}_e^2$	0,00	0,00	1,03	1,84	14850	0,00	0,00
Conformação							
thr3	0,00	1,04	1,31	2,33	39750	1,00	2,07
thr4	0,00	1,17	1,65	3,10	39750	1,08	2,76
thr5	0,00	1,37	2,10	4,13	39750	1,23	3,67
$\hat{\sigma}_a^2$	0,00	0,09	0,18	0,33	39750	0,08	0,31
$\hat{\sigma}_e^2$	0,00	0,19	0,48	2,12	39750	0,13	1,62
EMC - Erro de Monte Carlo							

EMC - Erro de Monte Carlo

entretanto houve aumento da variância genética aditiva para o modelo de limiar ao se passar de uma análise unicaracterística para uma bicaracterística, e nenhuma alteração entre estas mesmas estimativas no modelo misto clássico. Para o caso do modelo linear generalizado misto o componente de variância genético residual é fixado em 3,28, valor este que é a variância da distribuição logística, (SOUTHEY et al., 2003), não havendo por tanto o aumento da estimativa da variância genética aditiva como no modelo misto.

A herdabilidade para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses pela análise unicaracterística (Tabela 16) foi maior para o modelo de limiar. Para o modelo linear generalizado misto a estimativa da herdabilidade foi a metade da encontrada para os outros dois métodos. Apenas para conformação aos 12 meses os resultados foram próximos entre as metodologias MLM, ML e MLGM, sendo o modelo linear misto o que apresentou menor herdabilidade estimada. Segundo Silva et al. (2005) os modelos de limiar podem proporcionar estimativas melhores que os modelos lineares, pois tais

modelos relacionam a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente contínua e normal. Meijering e Gianola (1985) e Hoeschele e Gianola (1988) encontraram vantagens dos modelos de limiar, em relação aos modelos lineares. Porém de acordo com Faria et al. (2008), as análises com dados de campo não permitiram afirmar que os modelos de limiar são mais adequados que os métodos lineares, a não ser do ponto de vista teórico. Varona et al. (1999) utilizando dados reais de um grande rebanho sob modelo animal observaram melhores resultados do modelo de limiar sobre o linear, em análises bicaracterísticas.

Apesar de os resultados entre as análises unicaracterística e bicaracterística serem parecidas para as estimativas dos componentes de variância, deve-se adotar a análise bicaracterística como padrão para estimativas de características pós desmama, uma vez que na análise unicaracterística não é possível estimar as correlações genéticas entre característica de crescimento e de desenvolvimento ponderal, além do fato que este tipo de análise permitir a correção das estimativas dos componentes para os efeitos de seleção quando todos os dados utilizados até seleção forem incluídos nas análises.

Tabela 16 - Componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos MM, ML e MLGM, para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses em análises unicaracterística para bovinos Montana Tropical

	$\hat{\sigma}_a^2$ (E.P)	$\hat{\sigma}_e^2$ (E.P)	$\hat{\sigma}_p^2$	h^2 (E.P)
Musculosidade				
MM	0,09 (0,00)	0,59 (0,00)	0,69 (0,00)	0,13 (0,01)
ML	0,94 (0,00)	5,28 (0,00)	6,22 (—)	0,15 (—)
MLGM	0,27 (0,03)	3,28 (—)	3,56 (0,03)	0,07 (0,00)
Precocidade				
MM	0,01 (0,01)	0,39 (0,02)	0,40 (0,01)	0,04 (0,04)
ML	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (—)	0,42 (—)
MLGM	0,06 (0,15)	3,28 (—)	3,94 (0,26)	0,02 (0,07)
Conformação				
MM	0,18 (0,05)	1,01 (0,05)	1,19 (0,03)	0,15 (0,04)
ML	0,19 (0,00)	0,65 (0,00)	0,84 (—)	0,22 (—)
MLGM	0,65 (0,13)	3,28 (—)	3,95 (0,21)	0,16 (0,04)

MM - Modelo Misto; ML - Modelo de Limiar; MLGM - Modelo Linear Generalizado Misto

Pela Tabela 17 percebe-se que os valores do intervalo HPD, obtidos para as 3 características indicam intervalos de menor amplitude, que os intervalos de credibilidade. Os intervalos de credibilidade se sobrepuseram pela análise unicaracterística e

bicaracterística (Tabelas 15 e 17) pelo modelo de limiar para precocidade e conformação. Porém, para musculosidade os intervalos não se sobrepuseram. Os intervalos de credibilidade para as características foi de maior amplitude se comparados aos intervalos obtidos pela análise unicaracterística. As herdabilidades encontradas na análise bicaracterística foram superiores às encontradas na análise unicaracterística e ao se compararem os valores obtidos pelo modelo de limiar as herdabilidades foram bem maiores para musculosidade e precocidade (Tabela 18).

Nas Figuras 8, 9 e 10 têm-se a densidade da *posteriori* para musculosidade com peso a desmama, precocidade com peso a desmama e conformação com peso a desmama.

Figura 8 - Densidade a *posteriori* para a estimativa dos componentes de variância genético aditivo e residual de musculosidade aos 12 meses e peso a desmama

Na Tabela 18 as estimativas dos parâmetros genéticos, para as características categóricas obtidas a partir de análises bayesianas bicaracterísticas em modelo animal limiar-linear, por meio dos modelos mistos (modelo animal linear-linear) e dos modelos lineares generalizados mistos (modelos lineares generalizados mistos - linear). A estimativa de herdabilidade encontrada entre os métodos aplicados permitiu destacar o modelo de limiar como o que apresenta maiores valores em relação aos demais métodos. Ferreira (2008) em um artigo de revisão sobre modelos lineares e modelos de limiar afirma

Tabela 17 - Intervalo de credibilidade e intervalo de máxima densidade *a posteriori* das estimativas dos componentes de variância e limiares (*thresholds*) obtidas pela análise bicaracterística para a variável musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses para bovinos Montana Tropical

	EMC	0,025	0,5	0,975	Amostra	0,025	0,975
		Intervalo de credibilidade				HPD	
Musculosidade							
thr3	0,13	2,20	6,76	11,72	3000	2,07	11,51
thr4	0,14	4,71	9,58	13,90	3000	4,87	13,97
thr5	0,13	6,92	12,18	15,46	3000	7,61	15,79
$\hat{\sigma}_{a_1}^2$	0,04	2,26	3,64	4,52	3000	2,44	4,57
$\hat{\sigma}_{a_2}^2$	2,15	123,50	158,50	189,00	3000	127,70	191,60
$\hat{\sigma}_{a_{12}}$	0,28	16,40	23,78	27,71	3000	17,50	28,29
$\hat{\sigma}_{e_{12}}$	0,40	30,15	42,57	49,20	3000	32,47	50,49
$\hat{\sigma}_{e_1}^2$	0,09	2,53	5,04	6,80	3000	2,72	6,89
$\hat{\sigma}_{e_2}^2$	2,22	341,69	377,30	417,30	3000	339,30	413,30
Precocidade							
thr3	0,00	1,00	1,04	1,14	3000	1,00	1,11
thr4	0,00	1,02	1,07	1,21	3000	1,01	1,17
thr5	0,00	1,05	1,11	1,27	3000	1,04	1,24
$\hat{\sigma}_{a_1}^2$	0,00	0,00	0,00	0,00	3000	0,00	0,00
$\hat{\sigma}_{a_2}^2$	0,10	280,60	290,00	299,40	3000	280,20	298,90
$\hat{\sigma}_{a_{12}}$	0,01	0,01	0,12	0,331	3000	0,02	0,31
$\hat{\sigma}_{e_{12}}$	0,00	0,08	0,19	0,390	3000	0,07	0,36
$\hat{\sigma}_{e_1}^2$	0,00	0,00	0,00	0,00	3000	0,00	0,00
$\hat{\sigma}_{e_2}^2$	0,00	301,5	308,15	314,70	3000	301,30	314,20
Conformação							
thr3	0,01	1,07	1,44	2,44	2050	1,03	2,23
thr4	0,01	1,28	1,94	3,06	2050	1,20	2,94
thr5	0,02	1,66	2,55	3,99	2050	1,54	3,79
$\hat{\sigma}_{a_1}^2$	0,02	0,08	0,24	0,71	2050	0,07	0,63
$\hat{\sigma}_{a_2}^2$	9,40	58,69	141,25	299,77	2050	49,22	283,50
$\hat{\sigma}_{a_{12}}$	0,29	1,95	5,10	9,10	2050	2,07	9,20
$\hat{\sigma}_{e_{12}}$	0,29	6,01	9,39	14,18	2050	5,96	14,07
$\hat{\sigma}_{e_1}^2$	0,02	0,48	0,79	1,24	2050	0,45	1,21
$\hat{\sigma}_{e_2}^2$	9,42	235,74	394,20	476,60	2050	248,70	482,90
EMC - Erro de Monte Carlo							

que o modelo de limiar obtém maiores valores para a estimativa dos parâmetros genéticos que os obtidos por modelos lineares, sendo o modelo de limiar mais eficiente em detectar a variabilidade genética aditiva. Isto proporciona maiores ganhos genéticos por meio de seleção levando-se em conta as características avaliadas neste estudo (características categóricas), e os valores genéticos dos animais para características categóricas podem ser preditos com maior acurácia quando se utiliza um modelo de limiar.

Figura 9 - Densidade a *posteriori* para a estimativa dos componentes de variância genético aditivo e residual de precocidade aos 12 meses e peso a desmama

Figura 10 - Densidade a *posteriori* para a estimativa dos componentes de variância genético aditivo e residual de conformação aos 12 meses e peso a desmama

Os valores da correlação genética foram altos para musculosidade e conformação aos 12 meses, pelo modelo de limiar e baixos pelos modelos lineares mistos e generalizados mistos (Tabela 18). Porém, para precocidade a correlação genética estimada

pelo modelo de limiar foi baixa, já pelo modelo misto ela foi alta (0,71). No modelo linear generalizado mistos as correlações estimadas foram sempre de baixa magnitude. A correta adoção do modelo (método de estimação dos componentes) está intrinsecamente ligada no real conhecimento de quanto a seleção para características categóricas influenciará no peso a desmama dos tourinhos.

Os efeitos genéticos aditivos obtidos pela análise bicaracterística para musculosidade, precocidade e conformação foram superiores aos obtidos pela análise univariada para os modelos de limiar, com maior destaque aos valores obtidos para musculosidade.

A vantagem do modelo linear foi a maior velocidade de processamento da análise e, para um grande arquivo de dados com muitos registros de produção, pode ser um fator preponderante. O uso de modelos de limiar apresentou maior demanda computacional com o maior tempo gasto na obtenção das estimativas de parâmetros genéticos. Segundo Faria et al. (2008) isto pode ocorrer devido a maior demanda de iterações da cadeia de Gibbs, para se alcançar a convergência. O modelo linear generalizado misto, foi o modelo que apresentou maior dificuldade para obter a convergência, pois apenas sobre função de ligação logit que o mesmo convergiu.

Tabela 18 - Parâmetros genéticos em modelos bivariados para musculosidade, precocidade e conformação aos 12 meses para as diferentes metodologias empregadas em bovinos Montana Tropical

	$\hat{\sigma}_{a_1}^2$ (E.P)	$\hat{\sigma}_{a_2}^2$ (E.P)	$\hat{\sigma}_{a_{12}}$ (E.P)	$\hat{\sigma}_{e_{12}}$ (E.P)	$\hat{\sigma}_{e_1}^2$ (E.P)	$\hat{\sigma}_{e_2}^2$ (E.P)	h_1^2 (E.P)	h_2^2 (E.P)	$r_{a_{12}}$ (E.P)
	Musculosidade								
MM	0,09 (0,02)	98,70 (0,03)	1,01 (0,04)	4,31 (0,02)	0,60 (0,04)	447,00 (0,01)	0,13 (0,00)	0,18 (0,00)	0,33 (0,03)
ML	3,59 (0,01)	158,82 (0,33)	21,34 (0,05)	41,91 (0,08)	4,94 (0,01)	337,37 (0,36)	0,42	0,32	0,89
MLGM	0,28 (0,14)	98,70 (0,03)	0,86 (0,02)	3,31 (0,09)	3,28	446,00 (0,02)	0,16 (0,00)	0,18 (0,00)	0,16 (0,01)
	Precocidade								
MM	0,31 (0,07)	98,70 (0,03)	1,26 (0,02)	4,63 (0,11)	0,39 (0,06)	446,76 (0,00)	0,07 (0,04)	0,18 (0,00)	0,71 (0,19)
ML	0,00 (0,00)	289,94 (0,08)	0,12 (0,00)	0,20 (0,00)	0,00 (0,00)	308,13 (0,00)	0,37	0,48	0,22
MLGM	0,10 (0,08)	98,70 (0,06)	0,86 (0,06)	3,31 (0,03)	3,28	446,00 (0,00)	0,16 (0,01)	0,18 (0,00)	0,16 (0,01)
	Conformação								
MM	0,18 (0,00)	98,70 (0,02)	1,90 (0,00)	2,17 (0,05)	1,02 (0,04)	446,75 (0,1)	0,15 (0,04)	0,18 (0,00)	0,44 (0,12)
ML	0,27 (0,03)	152,20 (1,49)	5,33 (0,04)	9,65 (0,05)	0,81 (0,00)	382,84 (1,49)	0,25	0,28	0,83
MLGM	0,64 (0,10)	98,70 (0,07)	1,17 (0,02)	1,27 (0,04)	3,28	446,75 (0,09)	0,19 (0,06)	0,18 (0,00)	0,14 (0,05)

Para uma melhor comparação entre os modelos deve-se realizar estudos futuros, levando-se em conta técnicas de validação cruzada, para que se possa eleger com maior segurança entre os métodos utilizados.

4.4 Conclusão

Os escores visuais de conformação, precocidade e musculatura podem responder rapidamente à seleção individual. Houve diferença entre o modelo linear e o

de limiar e o modelo linear generalizado misto, na obtenção de estimativas de herdabilidades e correlações genéticas, de características categóricas morfológicas multinomiais. Recomenda-se ainda o uso de análise bicaracterística.

Referências

BARICHELO, F.; ALENCAR, M.M.; JÚNIOR, R.A.A.T.; SILVA, L.O.C. Herdabilidade e correlações quanto a peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, p.563-570, 2010.

BRESLOW, N.E.; CLAYTON, D.G. Approximate inference in generalized linear mixed models. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v.88, p.9-25, 1993.

CANTET, R.J.C.; FERNANDO, R.L.; GIANOLA, D. Bayesian inference about dispersion parameters of univariate mixed models with maternal effects: theoretical considerations. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.24, p.107-135, 1992.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama em bezerros Angus criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, p.318-325, 2001.

CARLIN, B.; GELMAN, A.; NEAL, R.; KASS, R. Markov Chain Monte Carlo in practice a roundtable discussion. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v.52, p.93-100, 1998.

DAL FARRA, R.A.; ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S. Efeitos de ambiente e de heterose sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame e sobre os escores visuais ao desmame de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.31, p.1350-1361, 2002.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.48, p.203-213, 1996.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.L.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, p.835-841, 2008.

FARIA, C.U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nelore beef cattle. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.32, p.753-760, 2009.

FERREIRA, W. J. Avaliação genética de animais para características categóricas – uma revisão. **Arquivos de Ciência Veterinária e Zoologia**. Umuarama, v. 11, n. 2, p. 121-128, 2008.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments. **Bayesian Statistics**, Oxford, v.4, p. 142, 1992.

GIANOLA, D., FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.15, p.201-224, 1983.

GILMOUR, A.R.; ANDERSON, R.D.; RAE, A.L. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. **Biometrika**, London, v.72, p.593-599, 1985.

GILMOUR, A.R., Gogel, B.J., CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. **ASReml User Guide Release 3.0**, Hemel Hempstead: VSN International Ltd. 2009. 372p.

GOLDSTEIN, H.; RASBASH, J.; LEWIS, I.; DRAPER, D.; BROWNE, W.; YANG, M.; Woodhouse, G.; **A user's guide to MLwiN**, London: Institute of Education. 1998. p. 298.

HARVILLE, D.A.; MEE, R.W. A mixed model procedure for analyzing ordered categorical data. **Biometrics**, Washington, v.40, p.393-408, 1984.

HOESCHELE, I.; GIANOLA, D. Bayesian versus maximum quasi-likelihood methods for sire evaluation with categorical data. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.72, p.1569-1577, 1988.

KEEN, A. **Procedure IRREML**. Wageningen: GLW-DLO Procedure Library Manual, Agricultural Mathematics Group. 1994. p. 300

KIPPERT, C.J.; RORATO, P.R.N.; CAMPOS, L.T.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; GHELLER, D.G.; LOPES, J.S. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça Charolês. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.36, p.579-585, 2006.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M.; FORNI, S.; SILVA, J.A.V.; LOBO, R.B. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, p.2362-2367, 2009.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; FORNI, S.; SILVA, J.A.V.; YOKOO, M.J.; ALENCAR, M.M. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.39, p.1015-1022, 2010.

LEE, Y.; NELDER, J.A. Hierarchical generalized linear models (with discussion). **Journal of the Royal Statistical Society**, Oxford, v.58, p.619-678, 1996.

MEIJERING, A.; GIANOLA, D. Linear versus nonlinear methods of sire evaluation for categorical traits: a simulation study. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.17, p.115-131, 1985.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings**. Montpellier: INRA: CIRAD, 2002. 467-468 p.

MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; BALIEIRO, J.C.C.; BUENO, R.S.; MATTOS, E.C.; FIGUEIREDO, L.G.G. Genetic parameters for growth traits of a Brazilian *Bos taurus* x *Bos indicus* beef composite. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.6, p.1190-1200, 2007.

NELDER, J.A.; WEDDERBURN, R.W.M. Generalized linear models. **Journal of the Royal Statistical Society**, Oxford, v.135, p.370-384, 1972.

NOGUEIRA, D.A.; SÁFADI, T.; FERREIRA, D.F. Avaliação de critérios de convergência para o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. **Revista Brasileira de Estatística**, Rio de Janeiro, v.65, p.59-88, 2004.

R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2006. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 10 jun. 2012.

RAFTERY, A.L.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? **Bayesian Statistics**, Oxford, v.4, p.763-74, 1992.

SAS Institute inc. **SAS 9.1**. Cary, 2004.

SCHALL, R. Estimation in generalized linear models with random effects. **Biometrika**, London, v.78, p.719-727, 1991.

SILVA, F.F.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H.; SÁFADI, T. Abordagem Bayesiana da curva de lactação de cabras Saanen de primeira e segunda ordem de parto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, p.27-33, 2005.

SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D.; KORSGAARD, I. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetic Selection Evolution**, Paris, v.27, p.229-249, 1995.

SOUTHEY, B.R.; RODRIGUEZ-ZAS, S.L.; LEYMASTER, K.A. Discrete time survival analysis of lamb mortality in a terminal sire composite population. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.81, p.1399-1405, 2003.

WEIGEL, K.A.; REKAYA, R. Genetic parameters for reproductive traits of Holstein cattle in California and Minnesota. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.83, p.1072-1080, 2000.

WELHAM, S. J. Glmm fits a generalized linear mixed model., **GenStat Reference Manual 3: Procedure Library PL17**, VSN International Ltd, Hemel Hempstead, p.260-265, 2005.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.76, p.2048-2061, 1998.

VARONA, L.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: I. Variance component estimation. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.77, p.1994-2002, 1999.

VARONA, L.; MORENO, C.; ALTARRIBA, J. A model with heterogeneous thresholds for subjective traits: Fat cover and conformation score in the Pirenaica beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.87, p.1210-1217, 2009.