COMPARAÇÃO DE METODOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE
VARIÂNCIA E PARÂMETROS AFINS DE MÚLTIPLOS CARACTERES EM
BOVINOS

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS
Engenheiro Agrônomo

Orientador: PROF. DR. ROLAND VENCovsky

Tese apresentada à Escola Superior de
de Agricultura "Luiz de Queiroz", da
Universidade de São Paulo, para obtenção
do Título de Doutor em Agronomia, área
de Concentração: Genética e Melhoramento
de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Novembro - 1991

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCAP/USP

F866c Freitas, Alfredo Ribeiro de
Comparação de métodos para estimação de componentes de
variância e parâmetros afins de múltiplos caracteres em
bovinos. Piracicaba, 1991.
170p. ilustr.

Tese - ESALQ
Bibliografia.

1. Análise de variância - Componente - Estimativa 2.
Bovino - Melhoramento - Método estatístico 3. Bovino -
Parâmetro genético - Estimativa 4. Estatística agrícola
I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piraci
caba

ÇDD 636.2082

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE
VARIÂNCIA E PARÂMETROS AFINS DE MÚLTIPLOS CARACTERES EM
BOVINOS

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS

Aprovada em: 9-12-91

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Cássio Roberto de Melo Godoi	ESALQ/USP
Prof. Dr. Dilermando Perecin	FMVAJ/UNESP
Prof. Dr. Francisco de Alberto Moura Duarte	FMRP/USP
Prof. Dr. Irineu Umberto Packer	ESALQ/USP
Prof. Dr. Roland Vencovsky	ESALQ/USP

Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY
Orientador

DEDICO

Aos meus pais, ATAIDES (in memoriam) e DEIJANIRA;

Aos meus sogros, VALDOMIRO e MARIA DEJAIR;

E, em especial, à minha mulher MARIA DO CARMO e aos meus filhos MARIA ALICE e MATHEUS, responsáveis pelo estímulo e Inspiração, no dia a dia.

Agradecimentos

Ao prof. Dr. Roland Vencovsky, pela amizade e orientação. O seu conhecimento deixou-me à vontade para realizar este trabalho;

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecária (EMBRAPA), pela oportunidade oferecida para a realização do curso de Pós-graduação;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos;

Aos colegas da Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual, (UEPAE) de São Carlos, SP, Eng^o. Agr^o. Pedro Franklin Barbosa, pelas sugestões valiosas durante todas as fases deste trabalho, Carlos Fernandes pelo apoio no uso dos micros e na organização dos arquivos de dados, Eng^o. Agr^o. Maurício M. de Alencar, pelas sugestões na discussão e à Terezinha Pinto de Arruda pela confecção dos gráficos;

Aos colegas Braz Eduardo Pacova, Dário Bicudo Piai e Joel Neves Barreto, pela amizade e companheirismo durante a minha permanência em Piracicaba.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA	Página
01. Médias mensais de temperatura (A), precipitação pluviál, mm e umidade relativa do ar, % (B), no município de São Carlos, SP, no período de 1982 a 1988.....	69
02. Médias dos pesos à desmama e aos doze meses de animais da raça Canchim, de acordo com o ano de nascimento e idade da vaca ao parto (anos).....	115
03. Médias dos pesos à desmama e aos doze meses de animais da raça Canchim, de acordo com o ano de nascimento.....	116
04. Estimativas de variâncias genéticas(A) e variâncias residuais(B) obtidas por ML e REML, em que os índices "1" e "2" referem-se aos pesos à desmama e e aos doze meses, respectivamente.....	128
05. Estimativas de variâncias obtidas por IHSM, ML e REML, em que $\hat{g}_{ij}$ = variância genética e $\hat{r}_{ij}$ = variância residual, onde i = 1,2, referem-se aos pesos à desmama e aos doze meses, respectivamente.....	148

LISTA DE TABELAS

TABELA	Página
01. Algumas aplicações dos métodos de estimativas de variâncias e de covariâncias.....	42
02. Estimativas de coeficientes de herdabilidade e respectivos erros padrão do peso ao nascimento (Y_0) à desmama (Y_1) e aos doze meses (Y_2) de animais das raças zebuínas e Canchim.....	54
03. Exemplos de modelos matemáticos usados nas estimativas de variâncias e de parâmetros genéticos de animais das raças zebuínas e Canchim....	58
04. Estimativas de correlações genética (r_g), fenotípica (r_f) e ambiental (r_E) entre o peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2) de animais das raças zebuínas e Canchim.....	59
05. Número de progênie por touro (N), médias e erros padrão para o peso à desmam (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2) de animais da raça Canchim	66
06. Médias mensais de temperatura do ar (mínima, máxima e média), precipitação pluvial e umidade relativa do ar, em São Carlos, SP, no período de 1982 a 1988.....	70

07.	Método 3 de HENDERSON em que (1) é a redução de - vida aos efeitos fixos ajustados para o efeito aleatório de touros; (1) obtenção das estimativas de componentes de variâncias entre touros e residuais.....	82
08.	Estrutura do parentesco entre touros usada no cálculo da matriz A^{-1} , de acordo com HENDERSON (1976b).....	89
09.	Análise de variância dos efeitos fixos ajustados para $\mu +$ touros, de acordo com o método 3 de HENDERSON (1953) (Y_1 = peso à desmama, Y_2 = peso aos doze meses).....	112
10.	Número de observações (N), constante aditiva (k_1) e média $\pm$ erro padrão do peso, obtidos do método 3 de HENDERSON (1953), "1" = peso à desmama e "2" = peso aos doze meses.....	114
11.	Resultados de soluções explícitas e iterativas considerando a análise univariada do peso à desma- ma (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2), sendo g_{ij}^2 = variância genética, r_{ij} = variância residual e h_i^2 = herdabilidade ($i = 1, 2$).....	127
12.	Estimativas de parâmetros genéticos obtidas da análise univariada, em que o índice "1" refere-se ao peso à desmama e o "2" ao aos doze meses....	135

13. Resultados do processo iterativo considerando o modelo multivariado do peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2), sendo $\hat{g}_{ij}$ = variância genética, $\hat{r}_{ij}$ = variância residual, h_i^2 = herdabilidade e $\hat{r}_g$ = correlação genética ($i = 1,2$), onde l = iteração..... 146
14. Resultados da análise multivariada, em que o índice "1" refere-se ao peso à desmama e o "2" ao peso aos doze meses..... 152

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	III
LISTA DE TABELAS	IV
RESUMO.....	IX
SUMMARY.....	XIV
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 Importância dos componentes de variância e de covariância no melhoramento animal.....	4
2.2 O modelo linear misto no melhoramento animal.	6
2.3 Métodos de estimativas de variâncias e técnicas computacionais.....	26
2.4 Alguns problemas de estimativas de variân- cias e de covariâncias.....	31
2.5 Aplicação dos métodos de estimativas de variâncias e de covariâncias.....	40
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	64
3.1 Material.....	64
3.2 Métodos.....	72
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	110
4.1 Estatística descritiva.....	110
4.2 Análise de variância dos efeitos fixos.....	111

4.3	Componentes de variância - Caso univariado..	126
4.4	Componentes de variância - Caso multivariado	144
5.	CONCLUSÕES.....	155
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	157

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE
VARIÂNCIA E PARÂMETROS AFINS DE MÚLTIPLOS CARACTERES EM
BOVINOS

Autor: ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS

Orientador: PROF. DR. ROLAND VENCovsky

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência dos métodos de estimação, a saber: da Variância Quadrática Mínima não Viciada (MIVQUE(o)), da Máxima Verossimilhança (ML) e Máxima Verossimilhança Restrita (REML), quanto aos aspectos computacionais, estimativas de variâncias genéticas (g_{ii}), residuais (r_{ii}) e de outros parâmetros genéticos na análise univariada (ANOVA) do peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses de idade (Y_2) em bovinos. Os métodos da ML, da REML e um método aproximado de MIVQUE (IHSM) foram avaliados com Y_1 e Y_2 em um modelo multivariado (MANOVA) com a inclusão do numerador da matriz de parentesco entre touros (A). Os resultados das diversas análises foram comparados aos obtidos pelo método 3 de HENDERSON (H3) na ANOVA, tradicionalmente utilizado no Brasil para a estimação de parâmetros genéticos.

Os dados foram obtidos de 526 fêmeas e 599 machos da raça Ganchim (aproximadamente $5/8$ Charolês + $3/8$ Zebu), nascidos de 1982 a 1988 na Fazenda Ganchim, município de São Carlos, SP. O modelo matemático incluiu, além da média, os efeitos fixos de sexo, ano e época de nascimento, interação ano x época de nascimento e idade da vaca ao parto, e os efeitos aleatórios de touros. O parentesco entre touros variou de 0,0 a 50,0 %, com média de 1,9 %, e as famílias de progênies eram de meio-irmãos paternos (MIP).

Os métodos da ML e REML convergiram com sete e seis iterações na ANOVA, respectivamente, enquanto que na MANOVA, foram necessárias 13, 40 e 40 iterações para os métodos IHSM, ML e REML, respectivamente. Houve maior rapidez de convergência das estimativas de r_g e de h^2 em relação às estimativas de variâncias e covariâncias, sendo esta propriedade importante para "checar" o processo de convergência.

O maior valor de $\hat{g}_{11}$ para Y_1 na ANOVA, foi obtido do método REML, seguido, em ordem decrescente, dos obtidos de ML, H3 e MIVQUE(o), enquanto que para Y_2 , valores decrescentes de $\hat{g}_{11}$ foram proporcionados pelos métodos REML, H3, ML e MIVQUE(o). Na MANOVA, em ambas as características, o maior valor de $\hat{g}_{11}$ foi obtido por IHSM, seguido de REML e ML.

As estimativas de h^2 obtidas na ANOVA com os métodos MIVQUE(o), H3, ML e REML, levando-se em conta a correlação entre MIP, foram, respectivamente, de $0,49 \pm 0,11$, $0,66 \pm 0,13$, $0,74 \pm 0,15$ e $0,78 \pm 0,16$ para Y_1 e, $0,28 \pm 0,11$, $0,39 \pm 0,10$, $0,38 \pm 0,10$ e $0,43 \pm 0,14$ para Y_2 . Na MANOVA, os valores de h^2 obtidos pelos métodos IHSM, ML e REML, foram de $0,80 \pm 0,15$, $0,72 \pm 0,15$, e $0,69 \pm 0,14$ para Y_1 e $0,48 \pm 0,12$, $0,39 \pm 0,11$ e $0,37 \pm 0,10$ para Y_2 , respectivamente.

As estimativas de correlações genéticas, em todas as situações, foram próximas de 1,0, indicando que o mesmo grupo de genes influencia Y_1 e Y_2 ; as correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) foram aproximadamente 0,72, exceto a obtida de REML na MANOVA ($\hat{r}_f = 0,87$), e as correlações residuais foram as mesmas em todos os métodos ($\hat{r}_e = 0,68$)

As correlações ambientais ($\hat{r}_E$) na ANOVA, obtidas por MIVQUE(o), H3, ML e REML, foram de 0,62; 0,51; 0,34 e 0,29. Como as variâncias residuais de cada característica foram semelhantes em todos os métodos, esta ordem decrescente nos valores de $\hat{r}_E$, refletiu a influência das subestimativas dos valores de g_{ii} pelos métodos MIVQUE(o) e H3, em relação às obtidas de ML e REML. Na MANOVA, os valores de $\hat{r}_E$ obtidos dos métodos IHSM, ML e REML, foram de 0,45, 0,45 e 0,68.

Em ambas as análises, a razão de variâncias r_{11}/g_{11} , foi de aproximadamente 4,5 em Y_1 e 9,0 em Y_2 , explicando as estimativas menores de h^2 obtidas em Y_2 em relação a Y_1 . Estes resultados mostraram que variações não controláveis devidas ao ambiente, tais como, pesos estacionários ou perdas de peso pós-desmama, entre outras, afetaram mais intensamente Y_2 , mascarando as diferenças genéticas entre os animais.

O método IHSM, superestimou os valores de g_{11} , r_{11} e de h^2 , quando comparado aos demais métodos. Embora seja iterativo, o mesmo exigiu poucos recursos de computação, sendo, ainda adequado para o estudo de caracteres múltiplos e para a inclusão do parentesco entre touros, o que justifica pesquisas adicionais antes de recomendá-lo em situações práticas.

Na ANOVA e, mais acentuadamente, na MANOVA, os métodos MIVQUE(o) e H3 estimaram valores menores de r_g e h^2 em relação aos obtidos dos métodos ML e REML. Estes resultados mostraram que deficiências do método H3, tais como, o uso de solução explícita, que geralmente não maximiza a verossimilhança dos parâmetros, o não controle de vícios devidos à seleção e a não possibilidade de utilização de caracteres múltiplos e do parentesco entre touros, limitam o seu uso no melhoramento animal. O método

MIVQUE(o), além de apresentar as deficiências do H3, usa pseudo-esperanças e a sua eficiência reduz-se na proporção em que a razão r_{ij}/g_{ij} se afasta de zero.

Na MANOVA e, mais ainda, com a adição do parentesco entre touros, os métodos da ML e da REML foram equivalentes quanto à estimativa de parâmetros genéticos, eliminando-se, inclusive, as distorções existentes entre os mesmos na ANOVA. Isso mostrou que, na análise multivariada, variâncias e covariâncias apropriadas são conhecidas, ou melhor, bem estimadas. Embora os dois métodos sejam extremamente exigentes em recursos de computação, tais exigências são minimizadas pelas várias técnicas de modelos lineares e de programação existentes e que reduzem muito o tempo de processamento. Assim, espera-se que o uso destes métodos, envolvendo vários caracteres simultaneamente, e ainda a inclusão do parentesco entre os animais envolvidos, seja difundido no melhoramento animal em nosso País.

COMPARISON OF METHODS FOR ESTIMATING COMPONENTS OF
VARIANCE AND RELATED PARAMETERS OF MULTIPLE TRAITS IN
CATTLE

Author: ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS
Adviser: PROF. DR. ROLAND VENCovsky

SUMMARY

The objective of this study was to evaluate the efficiency of the approximate Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation (MIVQUE(0)), Maximum Likelihood (ML) and Restricted Maximum Likelihood (REML) estimation variance components methods, considering their computational aspects, genetic (g_{ii}) and residual (r_{ii}) variance components estimates and other genetic and phenotypic parameters estimates, from univariate analysis of variance (ANOVA), for body weights at weaning (Y1) and at 12 months of age. The ML and REML methods and another approximate MIVQUE method (IHSM) were also evaluated with Y1 and Y2 in a multitrait model (MANOVA) including the numerator relationship matrix among sires. Results of both analyses were compared to those obtained by method 3 (H3) of HENDERSON (1953), traditionally used in the estimation of genetic parameters in Brazil.

The body weight data were from 526 females and 599 males Canchim calves, born at the Canchim Farm, in São Carlos, State of São Paulo. The mathematic model included, in addition to the mean, the fixed effects of sex, year of birth, season of birth, year x season interaction and age of dam and the random effects of sires. The relationship among sires ranged from 0.0 to 50.0 %, with a mean of 1.9 %, and the progeny families were of paternal half-sibs.

Considering the computational aspects, the ML and REML methods converged in the ANOVA with seven and six iterations, respectively, while in the MANOVA, the IHSM, ML and REML methods converged with 13, 40 and 40 iterations, respectively. The rg and h^2 estimates converged faster than the variance-covariance estimates, and this property is importante for checking the convergency or divergency process at each iteration.

The higher estimate of g_{11} for Y_1 in the ANOVA was obtained by the REML method, followed in decreasing order, by those obtained by the ML, H3 and MIVQUE(o) methods, while for Y_2 , decreasing g_{11} values were furnished by REML, H3, ML and MIVQUE(o) methods. With the MANOVA, for both traits, the higher g_{11} estimate was obtained by IHSM, followed by those from REML and ML. Heritability (h^2)

estimates obtained with the ANOVA, based on intra-classe correlation among paternal half-sibs, by the MIVQUE(o), H3, ML and REML methods were 0.49 ± 0.10 , 0.66 ± 0.13 , 0.74 ± 0.15 and 0.78 ± 0.16 for Y1 and, 0.28 ± 0.11 , 0.39 ± 0.10 , 0.38 ± 0.10 and 0.43 ± 0.14 for Y2, respectively. With the MANOVA analyses, h^2 values were 0.80 ± 0.15 , 0.72 ± 0.15 and 0.69 ± 0.14 for Y1 and 0.48 ± 0.12 , 0.34 ± 0.11 and 0.37 ± 0.10 for Y2, as obtained by the IHSM, ML and REML methods, respectively.

The r_g estimates were close to 1.0 in all cases, showing that the same group of genes influences the two variables; the phenotypic correlations ($\hat{r}_F$) were close to 0.72, except that obtained by the REML method in the MANOVA ($\hat{r}_F = 0.87$), and the residual correlations were the same in all the cases (0.68).

Environmental correlations obtained by MIVQUE(o), H3, ML and REML with the ANOVA analyses, were 0.62, 0.51, 0.34 and 0.29, respectively. Since the r_{ii} estimates for each trait were similar for all methods, this range in the values of $\hat{r}_E$ reflects the influence of the underestimated g_{ii} values obtained by the ML and REML. With the MANOVA, the $\hat{r}_E$ values obtained from IHSM, ML and REML, were 0.45, 0.45 and 0.68, respectively.

In both analyses, the ratio $\hat{r}_{11}/\hat{g}_{11}$ was close to 4.5 for Y_1 and 9.0 for Y_2 , explaining the lower h^2 estimates obtained for Y_2 as compared to those that for Y_1 . These results showed that uncontrollable environmental variations such as weight losses and/or absence of weight gains from weaning to 12 months of age, affected Y_2 more intensively, masking possible genetic differences among the individuals.

The IHSM method produced overestimated values of g_{11} , r_{11} and h^2 as compared to the others methods. Despite its iterative nature, the IHSM method demanded less computational labor and the possibility of working with multiple traits, the control of bias due to selection and the use of relationships among sires, justify additional investigations before recommendation for practical use.

With the ANOVA and, more emphasized, with the MANOVA, the MIVQUE(o) and H3 methods estimated lower values of r_g and h^2 as compared to the ones obtained by the ML and REML methods. These results showed that deficiencies of the H3 method like the use of explicit solution, that generally do not maximize the likelihood of the parameters, the uncontrolled bias due to selection and the impossibility of handling multiple traits and the relationship among sires, limits its use in animal breeding problems. The MIVQUE(o)

method, besides the deficiencies of the H3 method, uses pseudo-variances rather than true variances, and its efficiency reduces as the ratio r_{11}/g_{11} gets away from zero.

With the MANOVA and the inclusion of the numerator relationship matrix among sires, the ML and REML methods produced similar results for the genetic parameters, disappearing the differences between them observed with the ANOVA. This showed that, with the multivariate analysis, appropriate variances and covariances are known, or at best, well estimated. Although the ML and REML are computationally demanding methods, there are several linear models and programming techniques that reduce the computational labor associated with variance components algorithms. So, hopefully, these two methods, including multiple traits and the relationship among the individuals, may be spreadly used in animal breeding in our Country.

1. INTRODUÇÃO

Estimativas de variâncias e de covariâncias são fundamentais para a teoria e aplicação do melhoramento genético animal, destacando-se os seguintes usos: cálculo de índices de seleção, planejamento de programas de melhoramento, interpretação de mecanismos genéticos de características quantitativas e estimativas de coeficientes de herdabilidade e de correlações genética, fenotípica e ambiental.

O procedimento usual para a obtenção dessas estimativas, quando se utilizam dados balanceados, é a análise de variância. Iguala-se o quadrado médio residual de cada efeito à respectiva esperança e obtém-se a solução para os componentes de variâncias e de covariâncias. No melhoramento animal, entretanto, a situação típica é o uso de dados altamente desbalanceados, dentro dos efeitos fixos e aleatórios, e contrastes não ortogonais. Neste caso, várias são as formas de se obter as somas de quadrados dos efeitos e, conseqüentemente, a solução dos estimadores de

variâncias.

No Brasil, a maioria das pesquisas na área de melhoramento animal utiliza os métodos de quadrados mínimos ordinários denominados de 1, 2 e 3, desenvolvidos por HENDERSON (1953), que estão disponíveis em "software" em várias versões (HARVEY, 1979; 1982; 1985). Estas metodologias, apesar de serem relativamente fáceis do ponto de vista computacional, têm sérios inconvenientes: não controlam vícios das estimativas decorrentes de seleção; não permitem a utilização do parentesco entre os animais e não são adequadas para características múltiplas. Como consequência destas deficiências, o melhorista é obrigado a recorrer a técnicas de análise mais eficientes, afim de se obter dos dados as informações com maior rigor e precisão.

Ultimamente, devido ao aumento real de memória nos microcomputadores, grande ênfase tem sido dada a métodos mais sofisticados de estimativas de variâncias e de covariâncias, tais como, o método da máxima verossimilhança - ML (HARTLEY & RAO, 1967); máxima verossimilhança restrita - REML (PATTERSON & THOMPSON, 1971) e o método da variância quadrática mínima não viciada - MINQUE (RAO, 1971). Estes métodos, apesar de serem extremamente trabalhosos sob o aspecto computacional, são, no entanto, superiores aos de HENDERSON, pois proporcionam estimadores que são não viciados, assintoticamente eficientes, e de translação constante. Além destas propriedades dos estimadores, estes

métodos são adequados para características múltiplas; permitem a inclusão dos parentes dos animais envolvidos; aplicam-se a qualquer matriz de incidência e controlam e/ou minimizam vícios das estimativas devidos à seleção (ROTHSCHILD et alii, 1979; HENDERSON, 1984; 1985c; 1986b).

O objetivo do presente trabalho foi comparar os métodos de estimação, a saber: MIVQUE aproximado MIVQUE(o), ML e REML quanto aos aspectos computacionais, estimativas de componentes de variâncias e de outros parâmetros genéticos na análise univariada (ANOVA) do peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2) obtidos de animais Canchim nascidos e criados na Fazenda Canchim, município de São Carlos, SP, no período de 1982 a 1988. O método da ML, da REML e um segundo método de MIVQUE (IHSM) foram avaliados com Y_1 e Y_2 em um modelo multivariado (MANOVA) e, ainda, com a inclusão da matriz de parentesco entre touros. Os resultados obtidos da ANOVA e da MANOVA foram comparados àqueles obtidos pelo método 3.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância dos componentes de variância e de covariância no melhoramento animal.

As estimativas de componentes de variâncias e de covariâncias são ferramentas fundamentais (HENDERSON, 1986b) para:

- interpretar mecanismos genéticos quantitativos, como por exemplo, as variâncias aditiva e de dominância, interação aditiva por aditiva, etc;
- planejar programas ótimos de melhoramento;
- estimar herdabilidade, correlações genéticas, correlações fenotípicas e correlações ambientais;
- serem usadas no lugar de parâmetros verdadeiros nas equações dos índices de seleção e nas equações de modelos mistos, para BLUP ("Best Linear Unbiased Predictor").

De acordo com FISHER (1918), uma população é caracterizada pelas suas frequências de genes, de genótipos e pelos seus valores genotípicos. Por outro lado, a teoria da genética quantitativa baseia-se em conceitos, tais como, efeitos médios de uma substituição gênica,

valores genéticos, variância aditiva e não aditiva, efeitos epistáticos, entre outros. Estes dependem de frequências gênicas desconhecidas e de valores genotípicos de características quantitativas que somente foram aplicados ao melhoramento após a estimativa de componentes de variâncias genéticas obtidos da similaridade entre parentes.

O progresso é dependente da fração da variância total que é genética; entretanto, o conhecimento da magnitude relativa da parte aditiva e não aditiva da variância genética é essencial no planejamento de programas efetivos de melhoramento. De acordo com FREEMAN (1979) e HENDERSON (1985c), melhoramentos em muitas características bovinas têm sido feitos com base na variância genética aditiva, através de modelos estritamente aditivos. Entretanto, em muitas características de bovinos e outras espécies animais, a dominância é importante. Isto é particularmente verdadeiro entre irmãos completos de populações de raças leiteiras e tende a aumentar consideravelmente com a tecnologia de ovulação múltipla e transferência de embriões, onde grande número de famílias de irmãos completos pode ser produzido (HENDERSON, 1985c; TEMPELMAN & BURNSIDE, 1990a; 1990b).

Em suínos, por exemplo, espécie em que grupos de irmãos completos são comuns, a heterose tem sido demonstrada em várias características individuais, com

efeitos acumulados entre as características, o que revela a importância da variância não aditiva em adição à parte aditiva. No Estado de Iowa, EUA, por exemplo, 95 % dos suínos comercializados são cruzados (FREEMAN, 1979). Até mesmo a contribuição da endogamia e dos cruzamentos entre linhagens para o melhoramento, depende, em parte, da variância genética não aditiva (COCKHERHAM, 1954; HENDERSON, 1985c; VENCovsky, 1987).

Em muitas situações, tais como, características de crescimento na fase pré-desmama e de produção de leite em bovinos, características de carcaça em suínos, é essencial também a partição da variância genética aditiva em seus efeitos direto e materno e a obtenção de componentes de covariâncias entre estes efeitos (FREEMAN, 1979; SOUTHWOOD et alii, 1989). Estes fatos demonstram, portanto, que a partição da variação total em componentes genéticos úteis, de acordo com estimativas de variâncias e de covariâncias, tem papel importante na condução de programas efetivos de melhoramento.

2.2 O modelo linear misto no melhoramento animal

2.2.1 Aspectos teóricos

O uso do modelo misto nas avaliações genéticas de gado de leite e de corte iniciou-se com HENDERSON (1973). O

modelo geral adotado é da forma:

$$Y = X\beta + Zu + e \quad (1)$$

em que:

Y = vetor de dados ($N \times 1$);

X = matriz de valores conhecidos ($N \times p$) de posto $r \leq \min(N, p)$, que associa os elementos de β ao vetor de dados Y ;

β = vetor de elementos fixos desconhecidos ($p \times 1$);

Z = matriz de elementos fixos ($N \times q$), que associa os elementos de u aos elementos de Y ;

u = vetor aleatório não observável ($q \times 1$), que inclui os valores genéticos que se deseja prever, estimar ou avaliar. Pode incluir outros fatores ao acaso de maneira a se avaliar os valores genéticos com maior precisão;

e = vetor aleatório não observável ($N \times 1$). Inclui os efeitos genéticos não aditivos, efeitos residuais e ambientais permanentes.

Propriedades de (1) admitindo-se que os vetores u e e tem distribuição normal.

$$E \begin{bmatrix} Y \\ u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{ Var } \begin{bmatrix} Y \\ u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} ZGZ' + R & 0 & 0 \\ & G & 0 \\ \text{Simétrica} & & R \end{bmatrix} \quad (2)$$

A matriz de variâncias e covariâncias de Y em (2),

dada por $ZGZ' + R$, é uma função linear dos parâmetros desconhecidos a serem estimados. Admitindo-se que as matrizes G e R são conhecidas, pelo menos nas suas proporcionalidades (HENDERSON, 1984) e, ainda a existência de G^{-1} e R^{-1} , então os melhores estimadores lineares não viciados (BLUE) de funções lineares estimáveis de β e os melhores preditores lineares não viciados (BLUP) de u são obtidos através das soluções das equações de modelos mistos (EMM) abaixo:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (3)$$

Com exceção dos delineamentos completamente balanceados, a solução de β^0 (a notação " β^0 " indica que a solução de β não é necessariamente única) e u em (3) requer algoritmos iterativos onde as formas quadráticas são funções de variâncias ou de razão entre estas. Na convergência, as estimativas finais produzidas são funções apenas dos dados e não de estimativas prévias fornecidas pelo usuário. Naturalmente quanto mais adequadas forem as matrizes G e R , escolhidas a priori, mais estreitamente os resultados das estimativas de β^0 e u se aproximarão de soluções BLUE e BLUP, respectivamente. Dependendo das matrizes escolhidas e do algoritmo usado, o sistema de EMM em (3) poderá não convergir, ou apresentar soluções

fora do espaço de definição dos parâmetros, como por exemplo, fornecer coeficientes de herdabilidade fora do intervalo de 0,0 a 1,0. Para a obtenção da solução em (3) é necessário a obtenção de uma inversa generalizada C da matriz de coeficientes:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{12} & C_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_1 \\ C_2 \end{bmatrix} = C \quad (4)$$

Para um dado vetor K' associado a β , tal que o escalar $K'\beta$ seja uma função linear dos elementos de β , a matriz C proporciona as variâncias e covariâncias necessárias para as funções lineares estimáveis (HENDERSON, 1973).

de β e do BLUP de u .

$$\text{Var} [K'\beta^0] = K'C_{11}K \quad (5)$$

$$\text{Cov} [K'\beta^0, \hat{u}'] = 0$$

$$\text{Cov} [K'\beta^0, (u - \hat{u})'] = 0$$

$$\text{Var} [\hat{u}] = G - C_{22}$$

$$\text{Var} [u - \hat{u}] = C_{22}$$

HENDERSON (1973) mostrou que as soluções dos modelos mistos tem variância mínima do erro de predição dada por $\text{Var} (u - \hat{u})$, a qual é obtida através da inversa da matriz de coeficientes. Esta estatística mede a correlação entre o valor genético verdadeiro e o estimado do indivíduo.

O uso do modelo (1) considerando-se várias fontes

de variação e características múltiplas é feito fazendo-se a partição dos vetores u e e como segue:

$$u' = [u'_1, u'_2, \dots] \text{ e } e' = [e'_1, e'_2, \dots] \quad (6)$$

Assim, as variâncias e covariâncias para c características são definidas por:

$$Zu = \sum_i Z_i u_i \quad i, j = 1, 2, \dots, c \quad (7)$$

$$\text{Var } [u_i] = G_{ii} g_{ii}$$

$$\text{Cov } [u_i, u'_j] = G_{ij} g_{ij}$$

$$\text{Var } [e_i] = R_{ii} r_{ii}$$

$$\text{Cov } [e_i, e'_j] = R_{ij} r_{ij}$$

$$\text{Var } [Y_i] = Z \text{ Var } [\hat{u}] Z' + \text{Var } (\hat{e}) = Z G_{ij} Z' g_{ij} + R_{ij} r_{ij}$$

Uma fórmula mais conveniente de expressar essas variâncias e covariâncias, quando se usa o numerador da matriz de parentesco (A) entre reprodutores e ainda considerando características múltiplas (HENDERSON & QUAAAS, 1976) é dada por:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} u_1 \\ \vdots \\ u_c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11} G_{11} & \dots & g_{1c} G_{1c} \\ g_{1c} G_{1c} & \dots & g_{cc} G_{cc} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11} A & \dots & g_{1c} A \\ g_{1c} A & \dots & g_{cc} A \end{bmatrix} = G_o \otimes A \quad (8)$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} e_1 \\ \vdots \\ e_c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{11} R_{11} & \dots & r_{1c} R_{1c} \\ r_{1c} R_{1c} & \dots & r_{cc} R_{cc} \end{bmatrix} = R_o \otimes R$$

A matriz G definida em (2) geralmente é muito grande para se inverter, porém, em muitos casos ela é diagonal. Em outras situações é do tipo $A \otimes g_{ij}$ e A^{-1} é obtida diretamente da lista dos pais, sem a necessidade do cálculo de A (HENDERSON, 1976b). Mais detalhes sobre a solução BLUP para mais de uma característica estão em HENDERSON & QUAAAS (1976).

A notação " $\otimes$ " significa o produto direto de KRONECKER; g_{ij} é o ij -ésimo elemento da matriz de variância e covariância genética G_0 da população base conceituadamente de tamanho infinito ($g_{ij} = 1/4$ da variância genética aditiva, no caso de modelo considerando touros não selecionados); G_{ij} uma matriz conhecida, que equivale à matriz A (HENDERSON, 1976b). De (3), r_{ij} é o ij -ésimo escalar de R_0 , sendo R_{ij} ($i, j = 1, 2, \dots, c$) uma matriz que especifica a estrutura de covariância dos efeitos ambientais, geralmente do tipo I_n . Além de efeitos aleatórios desconhecidos, a matriz R inclui ainda as causas de variação permanentes do ambiente, além de efeitos genéticos não aditivos e epistáticos.

2.2.2 Planejamento do modelo linear misto

O modelo linear misto descrito em (1), pode ser alternativamente escrito na forma:

$$Y = X\beta + \sum_{i=1}^c Z_i u_i + e \quad (i = 1, 2, \dots, c) \quad (9)$$

Com a partição de u e Z em c sub-vetores do tipo

$$\begin{aligned} u' &= [u_1', u_2', \dots, u_c'] \\ Z' &= [Z_1', Z_2', \dots, Z_c'] \end{aligned} \quad (10)$$

O vetor β inclui os efeitos fixos desconhecidos, enquanto que os termos $Z_i u_i$ ($i = 1, 2, \dots, c$) representam a ocorrência de efeitos aleatórios.

Na estimativa de componentes de variâncias e de covariâncias, é usual absorver os efeitos fixos, pois desejar-se o ajuste apenas dos efeitos aleatórios. Cada u_i é um sub-vetor ($q_i \times 1$), cujos elementos são os níveis do i -ésimo fator aleatório. Por exemplo, um efeito de interação AB com q_1 observações seria incluído em u_1 com dimensão ($q_1 \times 1$), um efeito aninhado C(B) com q_2 observações seria incluído no vetor u_2 de dimensão ($q_2 \times 1$), e assim por diante.

No melhoramento animal, o planejamento conveniente dos modelos lineares mistos permite a obtenção de uma variedade de estimativas e de predições. Alguns exemplos práticos são dados a seguir:

- Na avaliação de vacas, com mais de uma observação, em um rebanho fechado (HENDERSON, 1982), u_1 representou os valores genéticos aditivos e u_2 os efeitos permanentes do ambiente;

- admitindo-se uma população não endogâmica, com ausência de seleção e com equilíbrio de ligação, HENDERSON (1985c) descreveu uma metodologia para a obtenção do mérito genético total em seus componentes aditivos e não aditivos. O subvetor u_1 representou o valor genético aditivo, u_2 o valor genético de dominância, u_3 a epistasia aditiva x aditiva, e assim por diante;
- Em um experimento para estimar a repetibilidade e a herdabilidade do volume, a concentração e o total de espermatozoides na análise de sêmen (TAYLOR & EVERETT, 1985), o vetor u_1 incluiu os méritos genéticos desconhecidos e u_2 o mérito genético não aditivo mais contribuições permanentes do ambiente;
- na avaliação genética através de um modelo animal com efeito de grupo (ancestrais desconhecidos de diferentes origens) e com parentescos aditivos entre os animais e estes agrupamentos (DA et alii, 1989), $u_1 = A_{gg}$ incluiu a matriz de parentesco aditivo entre os animais e os grupos (A_g), sendo g um vetor ($n \times 1$) de efeitos de grupo; u_2 representou os efeitos genéticos aleatórios não aditivos de animais desconhecidos e u_3 , o vetor de efeitos genéticos aditivos aleatórios dos ancestrais desconhecidos;
- em um sistema de monta natural em um rebanho de corte, com o objetivo de melhorar geneticamente a fertilidade

das vacas através da seleção indireta de alguns componentes herdáveis dos touros (MACKINNON et alii, 1990), o vetor u_1 incluiu os méritos genéticos aditivos aleatórios não observáveis dos touros para a herdabilidade das filhas, e u_2 representou os méritos genéticos aleatórios não observáveis da fertilidade do touro no acasalamento.

As estimativas dos subvetores u_i obtidas da solução das EMM podem ser usadas nos vários métodos iterativos de estimativas de variâncias e de covariâncias- ML, REML, MIVQUE, entre outros.

2.2.3 Usos da matriz de parentesco entre touros

A acuracidade de predição dos valores genéticos é aumentada pela adição nas EMM da inversa do numerador da matriz de parentesco (A^{-1}), a qual inclui o parentesco entre os animais a serem avaliados e dos parentes mais próximos destes, tais como, irmãos, pais, avós maternos, entre outros (POLLAK et alii, 1977; HENDERSON, 1975b; 1982; JENSEN, 1980; TAYLOR & EVERETT, 1985). Detalhes sobre como utilizar esta matriz para a avaliação de reprodutores e de machos e fêmeas entre os rebanhos são apresentados por HENDERSON (1975c).

Vários pesquisadores têm demonstrado a importância do uso da matriz A na avaliação genética. HENDERSON (1975c)

demonstrou que a inclusão do parentesco entre reprodutores melhorou a precisão das estimativas de parâmetros genéticos e proporcionou erros significativamente menores dos componentes de variâncias residuais. O uso do parentesco entre touros e ainda a adição de algumas fêmeas ancestrais, aumentou a acuracidade na avaliação de reprodutores jovens com poucas ou mesmo sem progênes, e ainda exigiu grupos menores para explicar mudanças e diferenças genéticas entre rebanhos.

Segundo QUAAS (1976) o uso da matriz A é importante para o planejamento de acasalamentos como, por exemplo, para estimar o nível de consangüinidade da futura progênie considerando o parentesco entre os indivíduos a serem acasalados.

De acordo com QUAAS & POLAK (1980) e POLAK & QUAAS (1981) o uso de A^{-1} nas EMM contribui para explicar mudanças genéticas entre rebanhos, eliminando-se com isso, o efeito de grupo genético. Isto significa que comparações mais precisas podem ser feitas entre as gerações, de modo que estas refletirão o progresso realmente obtido por um programa efetivo de seleção.

Com a facilidade de obtenção de A^{-1} diretamente do pedigree (HENDERSON, 1976b), algumas companhias dos Estados Unidos que avaliavam touros e vacas em programas separados (HENDERSON, 1982; 1984), estão atualmente incluindo A^{-1} em seus programas para a avaliação conjunta de

vacas e touros. Este procedimento envolve uma ação combinada do teste de progênie do indivíduo em questão e do teste de progênie de seus parentes, tais como pais e irmãos paternos, de modo que todas as informações disponíveis em um programa de teste de produção são usadas. Calcula-se A^{-1} de todos os animais que possuem informações, assim como para os animais adicionais que não possuem registros, mas que precisam ser avaliados.

Segundo HENDERSON (1982) estas informações eram normalmente incluídas em um conjunto único de equações, geralmente muito grande para ser solucionado com os atuais computadores, porém, através de uma propriedade importante da matriz A^{-1} , isto é, que os únicos elementos diferentes de zero, fora da diagonal, são aqueles referentes a um acasalamento, e também aqueles referentes ao par pai-progênie (HENDERSON, 1982), esta matriz pode então ser planejada adequadamente de modo que há blocos diagonais grandes em qualquer das submatrizes da matriz de coeficientes envolvendo A^{-1} (QUAAS & POLAK, 1980). Isto, associado ao fato de que a maioria, se não todos os elementos de β são peculiares ao rebanho individual, resulta que a matriz de coeficientes das EMM tem a forma de bloco diagonal, facilitando sobremaneira a solução do sistema de equações.

A solução do vetor de efeitos fixos β nas EMM não é necessariamente única, porém a adição de A^{-1}

na matriz de coeficientes, garante a unicidade da solução do vetor de efeitos aleatórios u (HENDERSON, 1975a; MACKINNON et alii, 1990).

2.2.4 Procedimentos para obter A^{-1}

A matriz de parentesco entre um grupo de animais é, por definição, uma matriz onde os elementos da diagonal $a_{ii} = 1 + f_i$, onde f_i é o coeficiente de endogamia do i -ésimo animal, e os elementos fora da diagonal são $a_{ij} = r_{ij} \sqrt{a_{ii} \cdot a_{jj}}$ ($i \neq j$), onde r_{ij} é o coeficiente de parentesco de WRIGHT (1922) entre o animal i e o animal j .

HENDERSON (1976b) descreveu um método para calcular uma matriz triangular inferior L , tal que $LL' = A$ e $A^{-1} = (L')(L)^{-1}$, obtendo-se A^{-1} diretamente sem o cálculo prévio de A . A matriz L pode também ser colocada na forma $L = TD$, sendo D uma matriz diagonal com os elementos iguais à diagonal de L , e a matriz T , triangular inferior, com 'uns' na diagonal e zeros fora da diagonal, exceto para as colunas pertencentes aos pais dos indivíduos representados pelas linhas. HENDERSON (1976b) descobriu ainda que A^{-1} pode ser calculada diretamente de uma lista de pais e mães e dos elementos diagonais de L .

Quando há presença de endogamia na população, este método é inconveniente, pois necessita armazenar os elementos de L ou A , geralmente matrizes muito grandes. Uma modificação no método de HENDERSON (1976b), proposta por QUAAS (1976), possibilitou obter os elementos diagonais de L ou A , não necessitando o armazenamento destas matrizes na memória, o que permitiu calcular com rapidez os coeficientes

de endogamia ou A^{-1} para um número grande de animais.

Nos programas de melhoramento onde um grupo de reprodutores é acasalado com um grupo de fêmeas, de modo que o pai de uma determinada progênie não pode ser identificado, HENDERSON (1988) sugeriu um método para determinar A^{-1} , considerando-se as probabilidades específicas de cada reprodutor em um grupo, ser o pai de uma determinada progênie. Esta metodologia possibilitou a inclusão da matriz de parentesco A^{-1} para a avaliação de touros no modelo animal ou modelo animal reduzido.

QUAAS (1989) apresentou um algoritmo recursivo que permitiu utilizar as informações da matriz de parentesco, não necessitando o cálculo prévio de A^{-1} . O algoritmo consiste em obter os dois passos seguintes:

$$L(B + \alpha A^{-1})L(L^{-1}u) = (L'BL + \alpha I)L'u = L'r \quad (11)$$

$$\text{traço}[A^{-1}(B + \alpha A^{-1})] = \text{traço}(L'BL + \alpha I)^{-1} \quad (12)$$

O produto matricial $L'BL$ é obtido diretamente de uma lista de pais e mães (ou avô materno). Este procedimento elimina o cálculo do traço de $[A^{-1}(B + \alpha A^{-1})]$, sendo $\alpha = g_{ii}/r_{ii}$, usado nas EMM para a solução de u e e nas estimativas de variâncias e covariâncias.

2.2.5 Propriedades BLUE e BLUP

2.2.5.1 BLUE

As propriedades abaixo (SEARLE, 1971) levam à definição do BLUE - "Best Linear Unbiased Estimation".

a) linearidade

Seja o vetor a' de mesma dimensão de Y , então o estimador $a'Y$ é uma função linear das observações de Y .

b) não tendenciosidade

Admitindo-se que $K'\beta$ seja estimável, então $a'Y$ deve ser um estimador não viciado de $K'\beta$, ou seja:

$$E(a'Y) = K'\beta \quad (13)$$

e

$$a'X\beta = K'\beta \quad (14)$$

Se isto for verdade para todo β , então:

$$a'X = K' \quad (15)$$

c) melhor estimador

Da classe dos estimadores lineares não viciados obtidos a partir de $K'\beta$, o melhor será o que apresenta a variância amostral mínima, sendo este o critério para obter a' , ou seja:

$$\text{Var}(a'Y) = a'V a \quad (16)$$

Para $a'Y$ ser o melhor estimador, esta variância necessariamente tem que ser mínima, portanto, deve-se escolher a de modo a minimizar $a'V a$ sujeito à restrição $a'X = K'$.

Usando 2θ como um vetor de multiplicadores de Lagrange, tem-se:

$$W = a'V a - 2\theta'(X'a - K) \quad (17)$$

Derivando-se W em relação a θ e igualando-se a zero obtém-se:

$$a'X = K' \quad (18)$$

Derivando-se (17) com relação a a obtém-se:

$$V a = X\theta \quad \text{ou} \quad a = V^{-1} X\theta \quad (19)$$

Substituindo-se o valor de a de (19) em (18), tem-se:

$$K' = \theta'X'V^{-1}X \quad \text{ou} \quad \theta' = K'(X'V^{-1}X)^{-1} \quad (20)$$

Assim, de (18) e (20), tem-se:

$$a' = \theta'X'V^{-1} = K'(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1} \quad (21)$$

O BLUE de $K'\beta = a'Y$ é dado por:

$$\text{BLUE}(K'\beta) = a'Y = K'(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}Y \quad (22)$$

Das equações de quadrados mínimos generalizados (GLS),

$$\text{tem-se: } \beta^0 = (X'V^{-1}X)^{-1}(X'V^{-1}Y) \quad (23)$$

Conclui-se, portanto, que:

$$\text{BLUE}(K'\beta) = K'\beta^0 \quad (24)$$

Das propriedades acima, verifica-se que os estimadores obtidos através de quadrados mínimos generalizados (GLS), de ML sob suposição de normalidade, e os obtidos através da solução BLUE são equivalentes (SEARLE 1971).

2.2.5.2 BLUP

A metodologia do BLUP ("Best Linear Unbiased Prediction"), que significa: o melhor preditor linear não viciado, é uma ferramenta poderosa para avaliar o valor genético dos animais. O melhorista, com base em um conjunto de dados Y , geralmente deseja prever futuros registros, e com base nestas predições, tomar decisões sobre um determinado programa de seleção, por exemplo, prever a produção de leite de futuras progênes de um grupo de touros, tendo como base a produção de leite de progênes atuais:

Esta metodologia iniciou-se a partir dos trabalhos de HENDERSON (1963). Foram determinadas funções lineares do tipo $a_i'Y$ para o i -ésimo animal, de modo que $\hat{u}_i$ seja o melhor preditor de u_i , e que a variância do erro de predição $E(u_i - \hat{u}_i)^2$, sujeita à restrição $E(\hat{u}_i) = 0$, seja mínima. HENDERSON (1963) provou que as estimativas $\hat{u}$ são BLUP de u , e podem ser estimadas através da função $\hat{u} = C'V^{-1}(Y - X\hat{\beta})$, onde o vetor $\hat{\beta}$ é solução das equações de quadrados mínimos generalizados $X'V^{-1}X\hat{\beta} = X'V^{-1}Y$.

O vetor u contém valores aleatórios com médias nulas representando o valor genético dos touros. Na prática, o preditor $\hat{u}$ é usado para selecionar animais para o melhoramento futuro, de modo a maximizar o ganho genético esperado.

Com a metodologia BLUP espera-se prever dados futuros através de funções lineares de β e u desconhecidos, tal que $E(a'Y) = E(K'\beta + M'u) = K'\beta$ seja uma estimativa não viciada. Dentre o conjunto destas estimativas, deseja-se escolher aquele que apresenta a menor variância amostral, ou seja, o que minimiza $E(a'Y - K'\beta + M'u)^2$.

Qualquer que seja a situação, os objetivos (HENDERSON, 1977) são:

- maximizar o valor esperado de informações futuras, quando os indivíduos são selecionados com base nas suas predições;
- determinar estimativas mais acuradas de funções dos registros futuros.

Algumas propriedades desejáveis de um índice para seleção de touros são:

- minimizar os erros de predição, ou seja, o quadrado da diferença entre o mérito total o índice;
- maximizar a correlação entre o mérito total e o índice;
- maximizar a média dos valores genéticos de touros selecionados;
- maximizar a probabilidade de selecionar, dentro de um par, o animal de maior mérito.

O problema de predição de dados é um caso especial de predição dos elementos do vetor aleatório u , não observável, com distribuição conjunta (u, Y) , de modo que u representa alguma função dos dados futuros. Assim, pode-se prever o valor genético de um reprodutor através da soma de

estimativas de quadrados mínimos de $K'\beta$ mais BLUP de $M'u$, ou seja $K'\beta + M'u$. Por exemplo, na avaliação do touro i dentro do grupo j (HENDERSON, 1982), deseja-se prever $\hat{g}_j + \hat{s}_{ij}$ para todo i e j relacionados aos animais de interesse. Na verdade, uma estimativa BLUP pode ser interpretada como um coeficiente de regressão que associa o vetor de dados Y (corrigido para efeitos fixos) ao vetor u , ou seja, $Y = f(u)$.

O cálculo de BLUP utilizando-se as matrizes conhecidas G e R , pode ser facilmente obtido através das equações de modelos mistos em (3), onde $\hat{\beta}$ é uma solução GLS para β . Se β é conhecida, a solução (HENDERSON, 1977) das equações é:

$$(Z'R^{-1}Z + G^{-1})\hat{u} = Z'R^{-1}(Y - X\hat{\beta}) \quad (25)$$

Desde que $K'\beta$ seja estimável, as variâncias amostrais necessárias são derivadas da matriz inversa generalizada C em (4):

$$\text{Var}(K'\beta) = K'C_{11}K \quad (26)$$

$$\text{Var}(K'\beta, \hat{u} - u) = K'C_{12} \quad (27)$$

$$\text{Var}(\hat{u} - u) = C_{22} \quad (28)$$

Caso as matrizes G e R sejam desconhecidas, uma alternativa é estimar as variâncias e covariâncias por máxima verossimilhança (HENDERSON, 1977). Introduzindo-se estas estimativas nos valores correspondentes nas EMM, então a solução resultante para β é ML, e a solução para u é $E(u/Y)$.

A metodologia do BLUP é bem mais abrangente (HENDERSON, 1977) do que a de seus competidores: BP (Best Prediction) e BLP (Best Linear Prediction). No método BP, a predição de u_i se dá através da função $f_i(Y) = u_i$, onde o mérito de um indivíduo pode ser função linear ou não linear de certas características. No entanto, a forma da distribuição e de seus parâmetros precisam ser conhecidos. Uma restrição séria ao método BP é que os candidatos a serem incluídos em um programa de seleção não devem ser relacionados (u_i independentes) e precisam ter o mesmo tipo de informação e o mesmo número de observações.

No método BLP, ou índice de seleção, as predições são restritas às funções lineares em Y do tipo $u_i = a_i + b_i Y$, sendo " a " um escalar e " b " um vetor de pesos escolhidos, de modo a minimizar $E(u_i - \hat{u}_i)^2$. Este método de predição tem propriedades interessantes, no entanto apresenta sérios inconvenientes quando comparado ao BLUP (HENDERSON, 1977). As predições pelo BLUP podem ser efetuadas em praticamente todas as situações. Entretanto, não tem tido prova de suas propriedades desejáveis como preditor, quando a seleção deve ser feita entre animais oriundos de diferentes populações e que as médias sejam desconhecidas.

2.3 Métodos de estimativas de variâncias e técnicas computacionais

2.3.1 Métodos com soluções explícitas.

Os métodos tradicionalmente usados para estimativas de variâncias nos modelos mistos e aleatórios com soluções explícitas são os denominados de 1, 2 e 3, desenvolvidos por HENDERSON (1953).

2.3.1.1 Método 1

É utilizado para dados balanceados e sob suposição de normalidade. Utiliza somas de quadrados tradicionais de correspondentes dados ortogonais, e exceto ao efeito médio, considera todos os elementos do modelo como efeitos aleatórios e não correlacionados. Para se obter as estimativas de variâncias, igualam-se os quadrados médios às respectivas esperanças.

2.3.1.2 Método 2

É indicado para modelos mistos que não incluem hierarquia de efeitos fixos e aleatórios e ainda com ausência de interação entre estes efeitos. Os efeitos fixos são estimados através de quadrados mínimos; corrige-se os dados para estas estimativas e, finalmente, aplica-se o método 1 aos dados corrigidos para estimar as variâncias.

2.3.1.3 Método 3

O método 3 também conhecido por método de ajuste de constantes, é utilizado para modelos aleatórios e mistos, para estimar componentes de variâncias não viciados pelos efeitos fixos. Baseia-se em reduções de somas de quadrados do modelo completo, as quais são igualadas às suas esperanças para estimar os componentes como numa análise convencional de quadrados mínimos não ortogonais. Os requerimentos computacionais são idênticos a uma iteração do REML; utiliza equações $Z'MZ$, porém com $G_0 = 0$. Este método tem sido sujeito a críticas devido ao fato que as somas de quadrados são obtidas considerando o modelo como completamente fixo, enquanto que, as esperanças destas são derivadas sob um modelo misto, o que pode tornar sério quando o modelo contém muitos efeitos aleatórios.

2.3.2 Métodos com soluções iterativas

Vários métodos que estimam componentes de variâncias através de solução numérica das EMM são usados. Dentre estes, a teoria dos métodos da ML, REML e MIVQUE está apresentada em MATERIAL e MÉTODOS, sendo os demais apresentados resumidamente a seguir:

2.3.2.1 IHSM (Iterative HENDERSON Simple Method)

Método do MIVQUE aproximado, descrito inicialmente por HENDERSON (1980), citado em HENDERSON (1984), com o nome de HSM para a obtenção de solução explícita. Ultimamente as formas quadráticas obtidas da solução deste método tem sido usadas em procedimentos iterativos considerando características simples e múltiplas, e então a versão iterada passou a ser denominada de IHSM (BERTRAND & BENYSHEK, 1987; BUTTRAM et alli, 1988; BERTRAND & KRIESE, 1990). Este método é computacionalmente fácil, pois envolve somente os elementos da diagonal principal da matriz de coeficientes para a solução de u , e requer a eliminação de todas as equações correspondentes a efeitos fixos. Parece convergir mais rapidamente que os outros métodos que envolvem pseudo-esperanças (OUWELTJES, et alli, 1988).

2.3.2.2 PE (Pseudo-expectation)

Método da pseudo-esperança, ou método do REML aproximado desenvolvido por SCHAEFFER (1986), tem por suposição de que os valores iniciais da razão de variância (g_{11}/r_{11}), são iguais aos valores verdadeiros, e que os elementos fora da diagonal são pequenos em relação aos elementos da diagonal principal. Este método requer que os efeitos fixos sejam absorvidos dentro dos efeitos aleatórios

e ainda que a primeira característica não apresente valor perdido. O método é facilmente estendido a características múltiplas, e não requer a inversão de matrizes grandes. Entretanto, converge mais lentamente quando comparado aos métodos que usam esperanças verdadeiras.

2.3.2.3 THM (Tilde-Hat Method)

O método da pseudo esperança ou THM foi proposto por VANRADEN & JUNG (1988) para características múltiplas. É uma extensão do procedimento descrito inicialmente por HUDSON & VAN VLECK (1982) para característica simples. Metade dos elementos fora da diagonal é considerado por THM, pois as formas quadráticas usadas incluem soluções BLUP, que requerem o uso de elementos fora da diagonal principal e também as soluções aproximadas usadas por IHSM (BUTTRAM et alii, 1988)

2.3.3 Técnicas computacionais

Devido às dificuldades computacionais exigidas pelos métodos iterativos, várias técnicas visando simplificar as soluções das EMM estão sendo usadas, dentre as quais, as mais importantes são descritas a seguir:

2.3.3.1 Transformação canônica

Técnica proposta para obter um conjunto de variáveis canônicas, tal que a covariância entre elas seja nula. Com os elementos fora da diagonal nulos, das matrizes G e R, as análises de características múltiplas seriam transformadas em análises de características simples, independentes genética e ambientalmente.

As estimativas obtidas na escala canônica são retransformadas para a escala original sem perdas de informação. Este procedimento tem sido discutido e aplicado no melhoramento animal por vários pesquisadores (SCHAEFFER, 1986; LIN et alii 1987; JENSEN & MAO, 1988).

2.3.3.2 Transformação "CHOLESKY"

Sugerida no melhoramento animal por SMITH & GRASER (1986) com o objetivo de diagonalizar a matriz A da i-ésima variável canônica. Isto equivale a decompor $A = LL'$, onde L é uma matriz triangular inferior positiva definida e $LL' = I$. Com a transformação "Cholesky" a matriz A não aparece nas expressões usadas para estimar os elementos de G e R.

2.4 Alguns problemas de estimativas de variâncias e covariâncias

2.4.1 Problemas associados aos modelos lineares.

Os métodos sugeridos por LUSH (1931; 1933) para a avaliação de touros e também a teoria do índice de seleção de HAZEL (1943), proporcionaram estimativas de variâncias e de covariâncias na classe de BLP ("Best Linear Prediction"), que significa: o melhor preditor linear de um efeito aleatório. Estas metodologias foram muito importantes para o melhoramento animal, porém, apresentaram sérios problemas, principalmente no melhoramento de gado leiteiro. Valores desconhecidos de médias, de variâncias e de covariâncias, além de dados não ortogonais, foram as principais deficiências destes métodos.

HENDERSON (1973), desenvolveu a metodologia do BLUP, que foi de grande importância nos métodos de avaliação de vacas e touros. Devido ao desenvolvimento dos recursos computacionais ocorrido nos últimos anos, esta metodologia está tendo uma importância cada vez maior nas avaliações de vacas e de touros, como por exemplo, as avaliações nacionais de touros de leite e de carne no Canadá e de touros leiteiros na região Nordeste dos Estados Unidos, como também de todas as vacas da Associação de Melhoramento de Gado leiteiro daquela região.

HENDERSON (1963; 1973; 1976a) e HENDERSON & QUAAAS (1976), propuseram modificações importantes do ponto de vista matricial e computacional aos modelos mistos da classe de BLUP. Mais recentemente, THOMPSON (1979) escreveu um excelente resumo a respeito do BLUP e outros métodos de avaliação de touros.

2.4.2 Componentes de variâncias negativos

Embora os componentes de variâncias sejam por definição, positivos, não é raro a obtenção de estimativas negativas, o que vem a complicar a condução da análise. FREEMAN (1979) fez considerações interessantes sobre as causas e possíveis soluções.

- Existência de confundimento parcial ou total entre os efeitos do modelo, principalmente em dados não ortogonais. Neste caso, recomenda-se a eliminação de parte dos dados e/ou alteração do modelo;
- Estimativas de variâncias negativas, quando o verdadeiro valor seria zero ou ligeiramente superior. A solução seria aumentar o tamanho da amostra; entretanto este é um problema difícil de identificar na prática.

Outras causas podem ocorrer ainda, como no caso em que a variância dentro de uma subclasse não é homogênea, como por exemplo em suínos, onde a variância do peso à desmama é função do tamanho da leitegada. Pode ainda existir

correlação entre os elementos do modelo usado na análise de variância, como por exemplo entre u e e , o que se verifica quando os melhores indivíduos recebem os melhores cuidados, ou os filhos dos melhores machos recebem tratamento especial. Para este caso existem técnicas estatísticas adequadas (FALCONER, 1981; HENDERSON, 1984).

A obtenção de estimativas negativas no caso multivariado, requer mais cuidados (HENDERSON, 1984). Uma possibilidade é descartar os estimadores negativos e considerar apenas o subconjunto dos positivos. Uma outra alternativa seria eliminar do modelo as variáveis que proporcionaram as estimativas negativas, e obter novos estimadores para as variáveis restantes; o processo deve continuar até que a solução esteja incluída dentro do espaço de parâmetro.

2.4.3 Heterogeneidade de variâncias

A maioria dos procedimentos de avaliação genética no melhoramento animal através das EMM considera a suposição de homogeneidade de variâncias genéticas e residuais entre os tratamentos (rebanhos, níveis de produção, entre outros). Em muitas situações, no entanto, o que se verifica é uma correlação entre as médias e as variâncias, provocando alterações drásticas nas estimativas de componentes de variâncias e de parâmetros genéticos. Como

exemplo, vacas ou touros com grande número de filhas pertencentes a rebanhos com variâncias grandes, tendem a ser superavaliados (BOLDMAN & FREEMAN, 1990).

Vários pesquisadores tem se preocupado com o problema da heterogeneidade de variâncias entre os tratamentos e sua consequência nas estimativas de parâmetros genéticos. BOLDMAN & FREEMAN (1990) verificaram que vacas oriundas de rebanhos com baixo rendimento leiteiro, tenderam a ser superavaliadas, quando se utilizavam dados submetidos à transformação logaritmica. Segundo eles, o mais indicado nesta situação seria a análise utilizando-se os dados originais.

DONG & MAO (1990) utilizando-se a metodologia da REML e o algoritmo EM analisaram dados de produção leiteira de primeira lactação de vacas que tiveram partos dentro do biênio 1976-1977, no nordeste dos Estados Unidos. O procedimento considerando a estratificação dos dados de acordo com a variância dentro do rebanho, pareceu ser o método mais efetivo para se detectar estimativas heterogêneas de componentes de variâncias e de herdabilidades. Assim, parece que o procedimento mais viável seria a estratificação dos dados, de forma a obter homogeneidade de variância dentro de cada extrato.

2.4.4 Espaço de definição dos parâmetros

O conjunto dos possíveis valores das estimativas de variâncias genéticas aditivas e residuais é definido por $\Omega = (g_{11}, g_{12}, g_{22}, \dots, r_{11}, r_{12}, r_{22}, \dots)$, onde os elementos g_{ij} e r_{ij} são, por definição, positivos. Uma condição requerida para a obtenção do espaço de parâmetro dessas estimativas é que a matriz de variância-covariância seja positiva definida ou positiva semi definida. Isto significa que todas as raízes características devem ser, respectivamente, positivas e não negativas.

Mesmo os métodos de estimativas de componentes de variâncias usados atualmente, tais como o ML, REML e MIVQUE, que permitem a obtenção de estimadores quadráticos não viciados e com boas justificativas teóricas, não eliminam, contudo, a probabilidade de se obter valores negativos para estes estimadores.

Quando se deseja escolher valores iniciais g_{ij} e r_{ij} para a obtenção de solução numérica através das EMM, é necessário, portanto, escolher valores positivos e, sempre que possível, próximos dos parâmetros populacionais.

Nos procedimentos da ML e da REML, se as matrizes de covariâncias dos valores iniciais G_0 e R_0 são definidas positivas, o algoritmo EM, descrito em 3.2.3.3, garante que a solução destas permanece positiva definida a cada iteração (HENDERSON, 1986b). Uma inconveniência do algoritmo EM,

entretanto, é a sua lentidão para as estimativas próximas à fronteira do espaço de parâmetros, como por exemplo, quando uma variância tende a zero.

Mesmo que a solução da matriz de variâncias e covariâncias seja definida positiva, não há garantia absoluta de que os parâmetros genéticos, obtidos em função desta, estejam incluídos dentro do espaço de definição dos parâmetros. Um exemplo é o coeficiente de herdabilidade que, por definição, situa-se no intervalo $0 < h^2 < 1$. No caso do modelo genético aditivo para touros, onde $E[\hat{g}_{ii}] = 1/4$ da variância genética aditiva, o coeficiente de herdabilidade é dado por $\hat{h}^2 = 4\hat{g}_{ii}/(\hat{g}_{ii} + \hat{r}_{ii})$. Mesmo que os componentes $\hat{g}_{ii}$ e $\hat{r}_{ii}$ sejam positivos, a estimativa de h^2 somente estará incluída no espaço de parâmetro se a relação $(\hat{g}_{ii}/\hat{r}_{ii}) < 1/3$ for satisfeita.

A correlação genética que, por sua vez, situa-se entre -1 e 1, somente estará incluída no intervalo de parâmetro se se verificar as relações $\hat{g}_{ij}^2 \leq \hat{g}_{ii}\hat{g}_{jj}$ e $\hat{r}_{ij}^2 \leq \hat{r}_{ii}\hat{r}_{jj}$, onde $\hat{g}_{ii}$ e $\hat{g}_{jj}$ representam a variância genética, $\hat{r}_{ij}$ e $\hat{r}_{jj}$ a variância residual para as características i e j , respectivamente. Do ponto de vista estatístico, mesmo que $\hat{g}_{ii}$ e $\hat{r}_{ii}$ sejam estimativas não viciadas, o quociente $\hat{g}_{ii}/\hat{r}_{ii}$ será sempre um estimador viciado de g_{ii}/r_{ii} e, da mesma forma $4\hat{g}_{ii}/(\hat{g}_{ii} + \hat{r}_{ii})$ será um estimador viciado de h^2 .

2.4.5 Seleção

A seleção é a ferramenta principal pela qual o melhoramento genético pode ser realizado. Quando os dados são provenientes de rebanhos submetidos à seleção, várias propriedades das EMM e portanto das conclusões decorrentes destas são alteradas (HENDERSON, 1984; 1986b). Por exemplo, a seleção pode alterar a proporcionalidade dos elementos do numerador da matriz de parentesco A , reduzir a variância genética aditiva e ainda provocar correlação entre os elementos do vetor u e do vetor e . Um exemplo de seleção que normalmente se verifica na prática é o caso de análise envolvendo várias características, quando alguns animais podem não apresentar informações sobre todas elas (CROTHSCHILD et alii, 1979; HENDERSON, 1986b); por exemplo, quando se analisa dados de produção de leite muitas vacas podem ser eliminadas durante a primeira lactação.

Segundo GIANOLA & FERNANDO (1986), a magnitude do vício depende da espécie em questão, da sua taxa reprodutiva, da intensidade de seleção e principalmente do número de características envolvidas. Este assunto tem sido discutido por HENDERSON (1975a; 1977; 1984) quanto às estimativas de efeitos fixos e de parâmetros genéticos; por ROBERTSON (1977) no domínio de estimativas de parâmetros genéticos e ainda por GIANOLA & FERNANDO (1986) através de enfoque bayesiano. Segundo esses pesquisadores, as metodologias de

análise tradicionais, tais como, os métodos 1, 2 e 3 de HENDERSON (1953) proporcionam estimadores viciados quando aplicados a dados submetidos à seleção, pois, as esperanças das formas quadráticas associadas a estes métodos são obtidas, por hipótese, de uma população base, ou seja, sem seleção. Assim, devido à ineficácia destes métodos convencionais em proporcionar estimativas consistentes, métodos mais sofisticados de análise estão sendo usados, tais como, o MIVQUE, ML e REML, os quais apresentam controle nos vícios devidos à seleção quando todas informações sobre as quais esta tem sido feita são incluídas na análise (ROTHSCHILD et alii. 1979; HENDERSON, 1982; 1984; 1985c; 1986b).

O impacto da seleção sobre as estimativas obtidas dos modelos mistos para características múltiplas tem sido bastante estudado. A remoção de vícios através desta metodologia se deve principalmente à incorporação da matriz A entre touros nas EMM e do uso da covariância residual entre características (LIN & McALLISTER, 1984). Segundo OUWELTJES et alii (1988), devido ao fato destes métodos usarem a inversa da matriz de coeficientes e também esperanças verdadeiras, as soluções das equações, juntamente com os elementos da inversa da matriz de coeficientes, contribuem com informações relevantes para o ajuste à seleção.

Associados a estes métodos modernos existem

vários refinamentos de análise que contribuem para a obtenção de estimativas não viciadas pela seleção: THOMPSON (1979), por exemplo, descreveu o método da ML na obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em dados de primeira e de segunda lactação, porém com eliminação de animais na primeira lactação. SCHAEFFER & HENDERSON (1983), propuseram um método alternativo de EMM que permite a utilização de covariância entre os elementos de u e de e . A dificuldade computacional para a execução do método depende da estrutura da matriz de covariância entre u e e .

Segundo SORENSON & KENNEDY (1984), com base em resultados de simulação, o uso correto da matriz de parentesco e de valores iniciais verdadeiros obtidos de uma amostra aleatória da população base, conceitualmente de tamanho infinito, produziram estimativas de variâncias e de covariâncias não viciadas pela seleção. HENDERSON (1984) discutiu os vários aspectos da seleção quanto às propriedades do BLUP, BLUE e quadrados mínimos ordinários, fornecendo ainda técnicas para o manejo de animais e de grupos de animais quando utilizados como efeitos fixos. GRASER et alli (1987) sugeriram um procedimento de como obter estimativas de componentes de variâncias que sejam não viciadas pela seleção, quando esta ocorre antes e/ou durante a formação da população base.

2.5 Aplicação dos métodos de estimativas de variâncias e covariâncias

A partir de 1971, com o uso dos métodos de estimativas de variâncias e de covariâncias através de solução iterativa, as pesquisas na área de melhoramento animal envolvendo essas metodologias tem crescido significativamente (Tabela 1). Além das excelentes justificativas teóricas associadas àqueles métodos, a evolução de recursos computacionais tem possibilitado o uso de grandes amostras, proporcionando conseqüentemente estimadores mais confiáveis. Como será demonstrado através de revisão da literatura e da tabela 1, sempre que os métodos que usam solução analítica são confrontados com os tradicionais métodos 1, 2, e 3 de HENDERSON (1953), estimadores mais precisos são proporcionados por aqueles.

THOMPSON (1973) derivou um procedimento REML para obter estimadores considerando características múltiplas, com a exigência de que o mesmo modelo seja utilizado para todas as características e estas observadas em todos os animais.

SZKOTNICKI et alii (1978) estimaram parâmetros genéticos da produção de leite e de gordura em três raças leiteiras canadenses - Canadienne, Pardo Suíço e Shorthorn através de um procedimento de ML descrito por SCHAEFFER (1976). Somente uma iteração foi necessária, indicando com

isto que os valores iniciais eram próximos dos valores verdadeiros. Os valores dos coeficientes de herdabilidade e de repetibilidade concordaram com as estimativas obtidas em outras raças leiteiras.

Uma metodologia alternativa do método ML para duas características, e com a inclusão da matriz de covariância residual foi proposto por ROTHSCILD et alii (1979). Através de dados simulados de primeira e segunda lactação, estimadores obtidos por este método foram comparados aos obtidos pelo método 1 de HENDERSON (1953). Ambos os métodos proporcionaram estimativas não viciadas para dados sem seleção, ou seja, quando se incluíam na análise as vacas que apresentavam informações nas duas lactações. Entretanto, com uma eliminação severa de 50% de observações da segunda lactação, foram obtidas estimativas viciadas pelo método 1, enquanto que pelo método ML estas foram semelhantes em ambas as situações, com e sem seleção, indicando ser este método vantajoso em situações onde existe seleção dentro de efeitos fixos. Posteriormente (SCHAEFFER, 1981), foi feita uma adaptação deste método para estimar covariância genética entre pares de características de dados de progênie, de modo a considerar o número de progênies na análise

Tabela 1 - Algumas aplicações dos métodos de estimativas de variâncias e de covariâncias.

AUTOR	ANO	PAÍS	MÉTODO*	CARACTERÍSTICAS	AMOSTRA
THOMPSON	1973	INGLATERRA	ML	-	1.000 observações
SCHAEFFER	1976		ML	-	
SZKOTNICKI et alii	1978		ML	-	
ROTHSCHILD et alii	1979	EUA	ML HI	características prod. leite	1000.000 obs 5.000 vacas 100 touros
QUAAS & POLAK	1980	EUA	REML MTVQUE	peso à desmama ganho pós-desmama	
SCHAEFFER	1981	CANADÁ	ML	prod. de leite	12 touros
HUDSON & VAN VLECK	1982	EUA	H3 IHSM	prod. de leite e de gordura	
DEMPFLE et alii	1983	SUIÇA	MTVQUE IHSM H3	prod. de leite	19.386 obs. 293 touros
LIN & McALLISTER	1984	CANADÁ	REML MTVQUE ML H3		480 rebanhos 120 touros 5.100 vacas
LIN et alii	1985	EUA	REML	prod. leite 3a. lactação	994 novilhos 56 touros
TAYLOR & EVERETT	1985	EUA	REML	características espermáticas	2216 ejaculados 200 touros
LYONS et alii	1986		REML THM IHSM SCHAEFFER	características de sanidade	2.206 progênes 87 touros 32 rebanhos
SORENSEN & KENNEDY	1986	EUA	MTVQUE H3		
BERTRAND & BENYSHEK	1987	EUA	REML IHSM	peso desmama	
LIN et alii	1987	CANADÁ	REML		
BUTTRAM et alii	1988	EUA	THM IHSM	tempo de corrida em equinos	

Tabela 1 - Cont.

AUTOR	ANO	PAÍS	MÉTODO*	CARACTERÍSTICAS	AMOSTRA
OUWELTJES et alii	1988	CANADÁ	REML IHSM PE THM	prod. de leite	81.692 observações 100 rebanhos 50 touros 1000 vacas/rebanho
VANRADEN & JUNG	1988	EUA	REML THM SCHAEFFER IHSM		dados simulados 50 experimentos 400 rebanhos 100 touros
CARABANO et alii	1989	ESPAÑA EUA	REML	prod. de leite	ESPAÑA: 10.700 obs. EUA: 4 milhões obs.
SOUTWOOD et alii	1989	CANADÁ	REML	dados de 1a. lactação	4.500 observações
BERTRAND & KRIESE	1990	EUA	IHSM PE	peso à desmama ganho pós-desmama	12.000 progênie
GOLDMAN & FREEMAN	1990	EUA	REML	características produção leite	121.136 vacas
CARABANO et alii	1990	EUA	REML	características produção leite	10.700 registros
GROENEVELD & KOVAC	1990	EUA	REML	ganho diário e esp. toucinho em suínos	649 suínos
KLASSEN et alii	1990	CANADÁ	REML	características reprodutivas	120.000 vacas 6.000 rebanhos
MACKINNON et alii	1990	AUSTRÁLIA	REML	taxa reprodutiva	500 touros
TEKPELMAN & BURNSIDE	1990b	CANADÁ	REML	características produção leite	550.821 registros
KEELE et alii	1991	EUA	PE	ganho de peso	

* = Os métodos estão na ordem decrescente de eficiência;

H1 = Método 1 de HENDERSON (1953);

H3 = Método 3 de HENDERSON (1953);

ML = Máxima Verossimilhança (HARTLEY & RAO, 1967);

REML = Máxima Verossimilhança Restrita (PATTERSON & THOMPSON, 1971);

MINQUE= Estimativa não Viciada Quadrática de Norma Mínima (DEMPELE et alii, 1983)

ISHM = Método Iterativo Simples de HENDERSON (HENDERSON, 1984);

MINQUE= Estimativa não Viciada Quadrática de Variância Mínima (HENDERSON, 1984)

PE = Pseudo-Esperança (SCHAEFFER, 1986);

THM = "Tilde-Hat Method" (VAN RADEN & JUNG, 1988);

HUDSON & VAN VLECK (1982), utilizando dados de produção leite, verificaram que o método IHSM apresentou estimativas de variâncias amostrais iguais ou menores às obtidas através do método 3, sendo as estimativas de componentes de variâncias similares para a maioria das características. Em algumas situações, no entanto, estimativas negativas foram obtidas pelo método IHSM, quando estas eram positivas pelo método 3 e vice-versa.

DEMPFLE et alii (1983) compararam as estimativas de componentes de variâncias de características de produção de leite através do MINQUE ("Minimum Norm Quadratic Unbiased Estimation"), método 3 e IHSM. A menor estimativa de variância foi obtida pelo método IHSM.

LIN & McALLISTER (1984) compararam entre si método 3, ML, MINQUE e REML quanto à estimativa de parâmetros genéticos através de dados simulados pelo método de Monte Carlo considerando-se 5.100 vacas, 120 touros e 480 rebanhos. Na ausência de seleção, as estimativas obtidas pelos métodos 3 e ML concordaram mais estreitamente com os parâmetros populacionais. O quadrado médio residual dos componentes de variâncias entre reprodutores foi maior para o método 3 do que para modelos mistos. As estimativas de variâncias do erro obtidas por ML foram viciadas para baixo resultando em superestimativa da herdabilidade. A seleção dentro de efeitos fixos, no entanto, afetou os estimadores mais seriamente do que a seleção através de efeitos fixos.

Utilizando-se dados de simulação pelo método de Monte Carlo, SORENSON & KENNEDY (1984; 1986) compararam entre si o MIVQUE e o método 3 quanto aos estimadores de variâncias e covariâncias em experimentos envolvendo vários ciclos de seleção. Os resultados obtidos indicaram que se os valores iniciais são confiáveis, os estimadores MIVQUE para a variância aditiva são não viciados, mesmo considerando-se dados submetidos à seleção. Se o valor inicial for maior que o valor verdadeiro, a estimativa é viciada para menos, ocorrendo o contrário quando o valor inicial for menor. O vício foi da magnitude de 10 % quando a diferença entre o valor inicial e o verdadeiro valor foi de 40%. Em todas as situações os estimadores MIVQUE apresentaram variâncias amostrais menores que o método 3.

Através de um procedimento REML derivado do ML de ROTHCHILD et alii (1979), estimativas de parâmetros genéticos considerando duas características foram comparadas sob duas condições (WALTER & MAO 1985): com e sem a inclusão das matrizes de variância-covariância genética e residual, e ainda sob quatro níveis de seleção: 0, 20, 40 e 60%. Sob qualquer intensidade de seleção, a metodologia de análise multivariada com a inclusão da covariância residual foi a mais indicada.

TAYLOR & EVERETT (1985) usaram o método da REML através de solução numérica iterativa EM para estimar os componentes de variância genética aditiva e dominante

considerando três características espermáticas individuais – o volume, a concentração e o total de espermatozóides. Os valores iniciais dos componentes de variância foram obtidos da literatura, considerando uma percentagem de 40% para a variância genética aditiva e 60% para a variância não aditiva mais efeitos ambientais permanentes.

LIN et alii (1987) estimaram parâmetros genéticos e fenotípicos de características de produção de leite e medidas do úbere. O método utilizado foi o de REML para características múltiplas com o uso de transformação canônica conforme sugerido por THOMPSON (1977), e o algoritmo EM. As estimativas obtidas foram completamente consistentes para os valores iniciais de componentes de variâncias.

CARABANO et alii (1989) estimaram componentes de variâncias e de parâmetros genéticos através de REML e com solução numérica através do EM envolvendo modelos com duas características simultaneamente, rendimento de leite e de gordura, na Espanha e nos Estados Unidos; ou uma dessas características analisadas nos dois países. As técnicas da transformação canônica, decomposição da matriz de parentesco por $A = L L'$ e tridiagonalização foram usadas permitindo analisar o modelo com duas características através de um sistema de equação para características simples.

MACKINNON et alii (1990) utilizaram dados de seis grupos genéticos de bovinos em um sistema de monta natural, na Austrália, com o objetivo de melhorar geneticamente a

fertilidade das vacas através da seleção indireta de alguns componentes herdáveis dos touros, geneticamente correlacionados com características de fertilidade das fêmeas e, preferencialmente avaliadas nos animais jovens. O método da REML, assumindo distribuição normal das observações, foi utilizado para estimar variâncias e covariâncias para a fertilidade da vaca e do touro considerando dados de natureza binomial: ausência e presença de partos. A inclusão da matriz de parentesco no modelo possibilitou a separação dos efeitos ambientais (cerrado, curral) dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos. Segundo os autores, a partição destes efeitos em condições de acasalamentos naturais raramente tem sido feito.

O uso do procedimento REML em dados de natureza categórica também foi utilizado por KLASSEN et alii (1990), os quais estimaram coeficientes de herdabilidade e repetibilidade considerando cinco categorias de facilidade de parto, com os efeitos aleatórios de pais e mães incluídos no modelo. O procedimento REML usado foi o de MEYER (1987) considerando dois fatores aleatórios (touros e vacas) no modelo, e ainda ausência de parentesco entre os animais.

TEMPELMAN & BURNSIDE (1990b) estimaram a variância genética aditiva e de dominância do rendimento de leite e de gordura, individualmente, considerando 550.281 registros de primeira lactação de vacas Holsteins. O procedimento utilizado foi o de REML via EM, através do algoritmo de

SMITH e GRASER (1986). Ambas as variâncias genéticas foram estimadas através de um modelo hierárquico com vacas dentro de reprodutores, considerando irrelevantes os efeitos genéticos maternos, citoplasmáticos e epistáticos.

Em um segundo modelo, considerando classificação cruzada vacas x reprodutores, informação adicional de meio irmãos maternos foi incorporada. Para a produção de leite, as estimativas foram similares em ambos os modelos, indicando que a variação genética para esta característica é largamente aditiva. A estimativa da variância de dominância para rendimento de gordura no modelo hierárquico foi viciada para menos, sugerindo que efeitos importantes, tais como, efeitos maternos, citoplasmáticos e epistáticos, não foram ajustados.

Devido às dificuldades computacionais associadas aos métodos da ML e REML, às vezes limitantes para grandes arquivos, muitas pesquisas tem sido feitas utilizando os métodos aproximados, devido à simplicidade algébrica destes. Entretanto, quando se usam os métodos PE e IHSM, há a necessidade de inclusão de ambas as matrizes, A e A^{-1} , nas formas quadráticas apropriadas e suas esperanças.

SORENSEN & KENNEDY (1984) e VANRADEN & JUNG (1988) verificaram que o uso da matriz de parentesco através do método REML produziu estimativas livres de vícios devido à seleção de touros com base em seus próprios registros ou nas informações das progênies. Por outro lado, mesmo com a

inclusão da matriz de parentescos, estimativas obtidas pelos métodos aproximados foram substancialmente viciadas pela seleção.

BERTRAND & BENYSHEK (1987) estimaram componentes de variâncias e de covariâncias de pesos ao nascimento e à desmama através de um modelo que incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo (rebanho, sexo e dados de pesagem à desmama) e efeitos aleatórios de pais e mães. Resultados similares dos estimadores foram obtidos através dos métodos REML e IHSM.

Utilizando-se características de produção de leite de primeira e de segunda lactação, OUWELTJES et alii (1988) compararam entre si os métodos REML, PE, THM e IHSM. Estimativas de variâncias e de parâmetros genéticos similares foram obtidas dos dados onde a seleção não era praticada e, estimadores de variâncias entre touros e entre vacas foram subestimados, e as variâncias entre erros superestimadas pelo método IHSM, nos dados não submetidos à seleção. O método REML mostrou uma considerável superioridade na redução de vícios devidos à seleção quando comparado com os demais métodos.

VANRADEN & JUNG (1988) compararam estes métodos na análise de características de sanidade em gado de corte. Na presença de seleção, a ordem decrescente quanto à eficiência destes métodos foi REML, PE, THM e IHSM, sendo que os três métodos aproximados proporcionaram o maior quadrado

médio residual.

BERTRAND & KRIESE (1990) compararam entre si o método da PE e IHMS para estimar variâncias e covariâncias de modelos para touros envolvendo simultaneamente peso à desmama e ganho pós-desmama de dados simulados de quatro conjuntos de 6.000 vacas e 60 touros cada. Mesmo considerando seleção, os estimadores de correlações genéticas e ambientais obtidos pelos dois métodos foram semelhantes aos obtidos por REML; porém, as estimativas de correlações residuais foram viciadas. Segundo os autores, os métodos aproximados podem ser úteis para manejar características múltiplas em grande volume de dados em populações submetidas a uma intensidade de seleção pequena dentro de grupos contemporâneos.

A obtenção de estimativas de variâncias e covariâncias residuais de grande volume de dados e que sejam não viciadas pela seleção é uma tarefa muito difícil. Um procedimento valioso seria o uso da transformação canônica dos dados, de modo a obter independência entre as observações, possibilitando com isto, utilizar as metodologias da ML, REML e MIVQUE usando as EMM para características simples, reduzindo o tempo de computação. JENSEN & MAO (1988), por exemplo, discutiram vários algoritmos de transformação passíveis de serem usados em análises multivariada transformando-as em análises univariada.

Com o crescente uso do método da REML via algoritmo EM, algumas pesquisas tem sido realizadas com o propósito de investigar a ocorrência de soluções múltiplas para as estimativas de variâncias e covariâncias, ou seja, a ocorrência de solução local ao invés de global.

GROENEVELD & KOVAC (1990) compararam entre si dois algoritmos, o EM e o DS ("Downhill Simplex") através de REML em um modelo envolvendo simultaneamente duas características, ganho de peso diário e espessura de toucinho, de 649 suínos da raça Landrace. Três soluções foram obtidas através do EM e duas através do DS, revelando a existência de máximo local ao invés de solução global, indicando, portanto superioridade do algoritmo DS. Segundo CARABANO et alii (1989), um procedimento que garante a obtenção de máximo global para os estimadores, é usar diferentes valores iniciais de modo que estes convergem para a mesma solução final.

Na maioria dos trabalhos, se considera como pressuposição a homogeneidade de variâncias entre os rebanhos e/ou níveis de produção. Entretanto, BOLDMAN & FREEMAN (1990) estimaram através do REML via EM, componentes de variância genética e ambiental de dados de primeira e de segunda lactação de 121.136 vacas Holstein e 526 touros considerando três níveis de produção (baixo, médio e alto) e duas escalas de variáveis (dados originais e transformação logarítmica) em um modelo cujos efeitos aleatórios eram

touros e vacas dentro de touros. Os resultados indicaram que o método da REML foi eficaz na redução de vícios devido à eliminação de vacas. Foi observado ainda, que a avaliação destas foi mais afetada por variâncias heterogêneas do que a avaliação de touros. A transformação logaritmica, com o propósito de estabilizar as variâncias não foi recomendada por estes pesquisadores, pois, as vacas com baixo rendimento tenderam a ser superavaliadas.

No Brasil, as estimativas de variâncias e covariâncias para a maioria das pesquisas no melhoramento bovino são obtidas por quadrados mínimos com base no método 3 de HENDERSON (1953), cujas técnicas de computação estão disponíveis em "software" desenvolvido por HARVEY em várias versões (HARVEY 1979, 1982, 1985). Da mesma forma, a metodologia usual para o cálculo do coeficiente de herdabilidade tem sido a correlação intra-classe entre meio-irmãos paternos eliminando-se, desta forma, os efeitos devidos à dominância, epistasia e efeito comum proporcionado pelo ambiente materno.

De acordo com a literatura pesquisada e também através das Tabelas 1 e 2, verifica-se que não há, no Brasil, uma preocupação por parte dos pesquisadores na investigação de métodos mais eficientes de estimação, como está sendo feita atualmente nos países mais evoluídos, como os Estados Unidos e Canadá. Através da tabela 2, observa-se que o coeficiente de herdabilidade, que é função de

variâncias genéticas e ambientais, apresenta uma amplitude de variação muito grande para uma mesma característica; ou ainda intervalos de confiança que incluem valores negativos e nulos para este parâmetro. Para o peso à desmama, por exemplo, as estimativas de h^2 variam de $-0,15 \pm 0,06$ em machos e fêmeas Nelore (MORTARI, 1976) a $0,73 \pm 0,16$ em machos Canchim (PACKER, 1977). Para esta característica, se considerarmos rebanhos Canchim criados em condições de manejo e de ambientes semelhantes, as variações são muito grandes e variam de $0,04 \pm 0,04$ nos machos e fêmeas em conjunto (ALENCAR & BARBOSA, 1982) a $0,73 \pm 0,16$ para machos (PACKER, 1977).

Uma certa variação nos valores de $\hat{h}^2$ obtida de rebanhos isolados é esperada, uma vez que esse parâmetro depende da frequência de genes, que pode variar de rebanho a rebanho, seja por oscilação genética ou efeitos decorrentes de seleção. Contudo, tais suposições isoladas, não são suficientes para explicar os valores extremos observados na literatura.

Tabela 2 - Estimativas de coeficientes de herdabilidade e respectivos erros padrão do peso ao nascimento (Y_0), à desmama (Y_1) e aos doze meses (Y_2) de animais das raças zebuínas e Canchim.

AUTOR	ANO	RAÇA		Herdabilidade		
				Y_0	Y_1	Y_2
MIRANDA	1973	Guzerá		$0,46 \pm 0,16$		
FELÍCIO	1973	Nelore		0,07	0,04	
		Gir		0,25	0,13	
		Guzerá		0,89	0,36	
MORTARI	1976	Nelore	F	$0,76 \pm 0,21$	$0,17 \pm 0,08$	
			M	$0,42 \pm 0,19$	$0,15 \pm 0,09$	
			F+M	$0,67 \pm 0,41$	$-0,15 \pm 0,08$	
MONTEIRO	1977	Nelore				$0,39 \pm 0,41$
OLIVEIRA	1977	Canchim	F	$0,34 \pm 0,18$	$0,19 \pm 0,15$	
		Canchim	M	$0,37 \pm 0,17$	$0,46 \pm 0,22$	
		Canchim	F+M	$0,30 \pm 0,13$	$0,29 \pm 0,13$	
PACKER	1977	Canchim	F+M	$0,25 \pm 0,06$	$0,42 \pm 0,08$	
OLIVEIRA	1979	Canchim	F	$0,39 \pm 0,12$	$0,27 \pm 0,11$	$0,36 \pm 0,10$
		Canchim	M	$0,31 \pm 0,13$	$0,62 \pm 0,16$	$0,70 \pm 0,17$
PACKER et alii	1979	Canchim	F	$0,37 \pm 0,11$	$0,16 \pm 0,08$	$0,27 \pm 0,09$
			F+M	$0,34 \pm 0,08$	$0,26 \pm 0,07$	$0,31 \pm 0,08$
ALENCAR et alii	1981	Canchim	F	$0,35 \pm 0,09$	$0,47 \pm 0,10$	
			M	$0,33 \pm 0,10$	$0,62 \pm 0,12$	
ALENCAR & BARBOSA	1982	Canchim	F+M	$0,04 \pm 0,04$	$0,04 \pm 0,04$	
BARBOSA	1982	Charolesa	F	$0,44 \pm 0,15$	$0,29 \pm 0,14$	
		Charolesa	M	$0,56 \pm 0,18$	$0,43 \pm 0,17$	
		Charolesa	F+M	$0,50 \pm 0,10$	$0,23 \pm 0,08$	
ALENCAR	1985	Canchim	F+M	0,03	0,04	
ELER	1987	Nelore	F+M	$0,42 \pm 0,03$	$0,24 \pm 0,02$	$0,29 \pm 0,03$
BARBOSA	1991	Canchim	F	$0,22 \pm 0,12$	$0,15 \pm 0,11$	$0,30 \pm 0,13$

Os pesquisadores admitem que outros fatores podem influenciar em maior ou menor proporção a grande variação e ainda os erros altos associados às estimativas de h^2 , tais como modelos e métodos de estimação inadequados (PACKER, 1977; OLIVEIRA, 1979; SILVA, 1982). Através da Tabela 3, verifica-se que em uma mesma característica diversos modelos e também vários critérios de se analisar o mesmo efeito são utilizados; o que não raro pode conduzir a uma partição inadequada dos efeitos com conseqüentes problemas na estimativa dos componentes de variâncias genéticas e residuais.

A amostragem insuficiente, em particular, tem tido uma grande influência nos métodos de estimação de acordo com vários pesquisadores (MORTARI, 1976; PACKER, 1977; ALENCAR & BARBOSA, 1982; ELER, 1987). De acordo com VAN VLECK & HENDERSON (1961) e HARRIS (1964), citados por SILVA (1982), uma maior precisão nas estimativas é obtida se se utilizar pelo menos 1.000 indivíduos distribuídos em 50 famílias. SILVA (1982) afirma ainda que deve-se utilizar um maior número de reprodutores, mesmo que seja em detrimento de uma redução no número de progênies.

Recentemente, JENSEN et alii (1991) afirmaram que as estimativas de componentes de variâncias usualmente requerem uma grande quantidade de dados para possibilitar uma acuracidade razoável. Outros fatores, não menos importantes, tem sido citados, como, por exemplo, efeitos

decorrentes de seleção (PACKER, 1977); coeficiente de consangüinidade (MORTARI, 1976; SILVA, 1982); deriva genética (SILVA, 1982), entre outros. A seguir, serão apresentados alguns exemplos de pesquisas efetuadas no melhoramento com os rebanhos nacionais, procurando-se elucidar a diversidade de situações e discutir os fatores que podem ter influenciados os resultados obtidos.

MIRANDA (1973) estimou a herdabilidade do peso ao nascimento de 368 machos e 380 fêmeas da raça Guzerá sob dois tipos de análise: dados ajustados para o efeito de sexo e, dados ajustados para sexo e mes de nascimento através de análise de variância em um modelo que incluiu, além da média, o efeito do ano de nascimento e touros dentro de anos. Deve-se ressaltar nesta análise, que a amostragem não representativa pode ter influenciado na precisão das estimativas.

PACKER (1977), efetuou a análise genética do crescimento até a desmama de 1.818 bezerros da raça Canchim, de ambos os sexos, considerando-se as características: peso ao nascimento, peso aos 205 dias, ganho diário de peso no período de aleitamento e ganho diário por dia de idade na desmama. A estimativa dos efeitos fixos, exceto a idade da vaca, foi feita através do método da ML considerando as estimativas de repetibilidade. As estimativas de variâncias e de covariâncias no modelos para vaca e para touro foram obtidas através do método 3. As estimativas da herdabilidade

foram maiores que as da repetibilidade (limite superior da herdabilidade), implicando em superestimativa da herdabilidade e/ou subestimativa da repetibilidade. Como estes parâmetros dependem das estimativas de variâncias e de covariâncias, certamente o uso de metodologias mais precisas poderia corrigir estas distorções.

A Tabela 4 apresenta alguns exemplos de estimativas de correlações entre o peso à desmama e o peso aos doze meses.

Tabela 3 - Exemplos de modelos matemáticos usados nas estimativas de variâncias e de parâmetros genéticos de animais das raças zebuínas e Canchim.

AUTOR	ANO	VARIÁVEL ⁺	RAÇA	MODELO [*]	ANÁLISE ⁺⁺
MIRANDA	1973	Y_0	Guzerá	A, T	QM
MORTARI	1976	Y_0, Y_1	Nelore	S, A, M, I, T	QM
MONTEIRO	1977	Y_2	Nelore	$A, A^2, M, M^2, M^3, M^4, O, S$	QM
OLIVEIRA	1977	Y_0, Y_1	Canchim	E, O, A, T, S	QM
PACKER	1977	Y_0, Y_1	Canchim	A, M, I, S, A×S, M×S, I×S	QM
OLIVEIRA	1979	Y_0, Y_1, Y_2	Canchim	M, A, I, S, T	QM
ALENCAR et alii	1981	Y_0, Y_1	Canchim	A, M, I	QM
LIMA	1981	$G(Y_0 - Y_1)$	Nelore	A, M, A^2, M^2, M^3, O	QM
ALENCAR et alii	1982	Y_1	Charalês	M, S, F, T, M×F, S×F, S×T	GLM
ALENCAR & BARBOSA	1982	Y_0, Y_1	Canchim	A, M, I, S, T	GLM
ALENCAR	1985	Y_0, Y_1	Canchim	A, I, S, E, T, T×E	QM
BARBOSA	1991	Y_0, Y_1, Y_2	Canchim	G, T, A, E, I, P	QM

* A = ano de nascimento; + Y_0 = peso ao nascimento;
 E = época de nascimento; Y_1 = peso à desmama;
 F = fazenda; Y_2 = peso aos doze meses;
 I = idade da vaca em anos; $G(Y_0 - Y_1)$ = ganho de peso entre Y_0 e Y_1 ;
 M = mes de nascimento;
 O = ordem de parição;
 P = parição.
 S = sexo;
 T = touro;

++ Análise de variância através de quadrados mínimos (QM, GLM)

Tabela 4 - Estimativas de correlações genéticas ($\hat{r}_g$), fenotípica ($\hat{r}_F$) e ambiental ($\hat{r}_E$) entre o peso à desmama (Y_1) e o peso aos doze meses (Y_2) de animais das raças zebuínas e Canchim.

AUTOR	ANO	RAÇA	SEXO*	$\hat{r}_g$	$\hat{r}_F$	$\hat{r}_E$
FIGUEIREDO et alii	1978	Nelore	F+M	0,85	0,93	
MARIANTE	1978	Nelore	F+M	0,86	0,83	0,82
ROSA et alii	1978	Nelore	F+M	0,92	0,93	
BARBOSA et alii	1979	Canchim	F+M	0,74		
OLIVEIRA	1979	Canchim	F	0,86	0,73	0,68
			M	0,83	0,70	0,49
			F+M	0,85	0,71	0,61
ELER	1987	Nelore	F+M	0,76	0,65	

* F = fêmeas, M = machos

OLIVEIRA (1977) estimou a herdabilidade e as correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre os pesos ao nascimento, à desmama e o ganho médio diário de peso do nascimento à desmama de 840 animais da raça Canchim, nascidos de 1958 a 1973. As estimativas de componentes de variâncias e de covariâncias foram obtidas através de quadrados mínimos, sendo a herdabilidade estimada pela correlação entre meio-irmãos paternos.

Posteriormente, (OLIVEIRA, 1979) obteve estimativas de correlações genéticas, fenotípicas e ambientais de pesos ao nascimento, aos 6, 12, 18 e 24 meses e ganho médio diário nos vários períodos, de 1.290 animais da raça Canchim. O modelo para touro incluiu além do efeito deste, o mes e o ano de nascimento do bezerro, a idade da vaca e o sexo do bezerro, sendo os componentes de variâncias e de covariâncias obtidos através do método 3 de HENDERSON (1953).

ROCHA (1980) estimou o coeficiente de herdabilidade, correlações genéticas, fenotípicas e ambiental de características da desmama e sobreano de 183 animais da raça Hereford. As estimativas de variâncias e de covariâncias foram obtidas pelo método de quadrados mínimos, através de um modelo que incluiu os efeitos fixos rebanho, sexo, interação rebanho x sexo e o efeito aleatório touros/rebanho. Os intervalos de confiança para os coeficientes de herdabilidade incluíram valores negativos e nulos. Segundo o autor, fatores como o número reduzido de

informações, seleção dentro do rebanho, estratificação das vacas para o acasalamento com o, além da precisão do método de análise, influíram na precisão das estimativas.

LIMA (1981) utilizando-se de regressão passo a passo "Stepwise", corrigiu para os efeitos fixos, o ganho de peso de 583 machos e 559 fêmeas Nelore, segundo um modelo para cada sexo, que incluiu o ano de nascimento e a ordem de parição até o grau quadrático e o mes de nascimento até o grau cúbico. Para a estimativa de parâmetros genéticos, apenas o efeito de touros foi considerado no modelo. Pode-se admitir, com base nas informações de SILVA (1982), que a amostragem usada foi insuficiente.

Estimativas da herdabilidade através da correlação intra-classe entre meio-irmãos paternos foram obtidas por ALENCAR & BARBOSA (1982), do peso ao nascimento e pesos aos 270 dias ajustados pelo ganho médio diário e pela equação de regressão de 1.404 bezerros da raça Canchim, filhos de 29 touros e nascidos no período de 1971 a 1979. Os intervalos de confiança para os coeficientes de herdabilidade incluíram valores negativos e nulos, sugerindo que causas de variação como a representatividade da amostra, e também metodologia inadequada usada nas estimativas de variâncias e covariâncias, contribuíram para ocultar as diferenças genéticas entre os indivíduos.

Utilizando-se 742 lactações, correspondentes ao primeiro, segundo e terceiro partos de 358 vacas da raça

Caracu, filhas de 55 touros e acasaladas com 48 reprodutores, TUPY (1985) através do método 3, estimou componentes de variâncias devidos ao pai do feto, considerando as lactações ajustadas para os efeitos de sexo do bezerro, ano, mes e ordem de parto. O componente de variância devido ao efeito do pai do feto respondeu por 5,5% da variabilidade total na produção de leite. De acordo com TUPY (1985) o método 3 tem sido usado por vários pesquisadores em estudos dessa natureza.

ELER (1987) analisou características ponderais de 31.097 animais da raça Nelore, oriundos de 126 rebanhos do Estado de São Paulo, com o objetivo de avaliar os efeitos genéticos direto e materno. As características estudadas foram pesos ao nascimento, pesos aos 205 dias e aos 365 dias de idade, sendo que os componentes de variâncias de touros e de vacas foram obtidos a partir dos pesos corrigidos para os efeitos de sexo, estação, ano de nascimento e idade da mãe.

O método de WILHAM (1963), citado por ELER (1987), foi utilizado para estimar os componentes de variâncias para as diferentes famílias disponíveis, através de quadrados mínimos. Valores negativos foram obtidos para os componentes de variância devido aos efeitos diretos de dominância, e componentes de variância devidos aos efeitos permanentes na habilidade materna da vaca. Conforme comentários do autor, estas estimativas negativas obtidas podem ser devidas à imprecisão no método de WILHAM, que não considera epistasia

e produz erros padrão altos, além de imprecisão amostral, desbalanceamento dos dados, entre outros.

Finalmente, BARBOSA (1991) trabalhando com fêmeas da raça Canchim estudou, dentre outras características, os pesos nas seguintes idades: nascimento, desmama ajustado para 240 dias, 12, 18, 24 e 30 meses de idade. Cada característica foi analisada individualmente através do método 3 de HENDERSON (1953). Como várias características foram consideradas, certamente o uso dos métodos da ML e REML considerando o modelo multivariado, proporcionariam estimativas mais precisas dos componentes de variâncias, de covariâncias e conseqüentemente dos demais parâmetros genéticos.

Esta amostra dos resultados das pesquisas na área de melhoramento animal, realizadas no Brasil, quando analisada sob o aspecto metodológico, revela que os métodos modernos de análise, tais como o MIVQUE, ML e REML, entre outros, que possuem justificativas teóricas excelentes e são adequados para características múltiplas, ainda não são divulgados em nosso País.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

3.1.1 Organização dos dados

Os dados utilizados no presente trabalho foram provenientes de 1.125 animais da raça Canchim, nascidos e desmamados no período de 1982 a 1988, na Fazenda Canchim, município de São Carlos, SP, sede da Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual - EMBRAPA.

Para uso nas análise de variância, os animais foram organizados segundo as categorias abaixo, em que o número entre parênteses indica os níveis.

Efeitos fixos:

sexo (2): machos e fêmeas;

ano de nascimento (7): 1982 a 1988;

época de nascimento (2): época 1 (maio, junho e julho) e,
época 2 (agosto a dezembro);

idade da vaca ao parto em anos (8):

classe 1:	$<$	4 anos;
classe 2:	4 -	5 anos;
classe 3:	5 -	6 anos;
classe 4:	6 -	7 anos;
classe 5:	7 -	8 anos;
classe 6:	8 -	9 anos;
classe 7:	9 -	10 anos;
classe 8:	10 -	11 anos;
classe 9:	$\geq$	11 anos.

Efeitos aleatórios:

touros (52).

As médias de Y_1 e Y_2 e o número de progênie por touro estão na Tabela 5.

Tabela 5 - Número de progênes (N) por touro, médias e erros padrão do peso à desmama (Y_1) e aos doze meses (Y_2) de animais da raça Canchim.

Touro	N	Y ₁	Y ₂
801	22	175,28 ± 3,75	193,32 ± 4,10
1155	6	208,38 ± 10,88	223,81 ± 14,07
1175	26	191,95 ± 6,76	196,90 ± 8,04
1180	46	195,74 ± 3,19	205,08 ± 3,98
1193	9	212,09 ± 3,67	233,75 ± 8,55
1197	62	199,96 ± 3,42	211,01 ± 3,30
1226	11	194,67 ± 4,51	227,75 ± 7,00
1227	23	184,53 ± 5,47	203,99 ± 7,07
1230	10	197,20 ± 5,35	196,27 ± 7,97
1284	41	181,63 ± 3,82	196,25 ± 4,95
1302	26	203,61 ± 6,68	213,38 ± 9,15
1394	29	176,33 ± 5,05	185,88 ± 4,52
1420	28	208,96 ± 6,56	214,03 ± 7,91
1424	24	170,39 ± 6,15	183,95 ± 6,84
1425	21	177,50 ± 4,59	181,27 ± 5,17
1432	33	193,54 ± 5,84	202,94 ± 5,77
1476	47	180,10 ± 3,82	184,40 ± 3,28
1539	32	199,02 ± 5,82	211,93 ± 8,48
1583	14	167,01 ± 5,77	189,90 ± 6,13
1589	48	188,03 ± 3,43	194,73 ± 4,85
1672	50	158,30 ± 2,77	171,65 ± 3,09
1673	33	190,61 ± 7,88	207,18 ± 7,55
1679	27	152,83 ± 4,04	161,94 ± 4,87
1693	10	148,55 ± 4,81	173,77 ± 5,44
1711	4	158,29 ± 3,16	157,40 ± 5,16
1744	18	145,66 ± 3,90	159,53 ± 6,26
1753	22	194,88 ± 6,66	210,70 ± 8,84
1784	25	173,80 ± 5,49	197,74 ± 6,66
1910	44	213,18 ± 4,33	243,11 ± 5,76
1911	7	158,52 ± 8,08	167,90 ± 12,34
1957	13	171,72 ± 3,31	186,23 ± 4,35
1061	5	175,72 ± 7,43	184,95 ± 5,96
2122	7	207,23 ± 14,14	214,54 ± 14,64
2128	9	179,48 ± 6,25	184,20 ± 6,36
2153	10	185,74 ± 6,56	227,99 ± 9,88
2157	22	210,69 ± 7,28	235,74 ± 8,46
2158	12	180,02 ± 7,21	194,76 ± 5,76
2169	5	178,84 ± 18,98	182,03 ± 15,83
2188	12	176,06 ± 8,60	173,03 ± 7,73
2243	50	209,25 ± 3,87	220,07 ± 5,29
2246	10	168,30 ± 10,14	182,49 ± 13,50
2252	7	252,56 ± 9,14	276,16 ± 14,10
2287	10	196,77 ± 7,51	209,85 ± 5,58
2362	10	194,02 ± 9,29	205,24 ± 8,65
2403	43	207,56 ± 4,35	229,44 ± 7,19
2426	12	228,34 ± 5,98	241,60 ± 7,39
2627	18	179,68 ± 5,08	208,47 ± 7,40
2635	21	212,71 ± 5,20	217,58 ± 7,68
2697	5	192,49 ± 13,14	185,04 ± 10,66
2733	14	209,22 ± 7,03	217,99 ± 21,32
2767	17	230,57 ± 6,68	238,25 ± 8,09
2956	15	188,26 ± 6,39	211,09 ± 10,33

Uma descrição detalhada da formação do gado Canchim, bem como do manejo do rebanho na fase de formação é apresentada por VIANNA et alii (1978). ALENCAR (1986) resumizou as informações obtidas recentemente, bem como as mudanças no manejo reprodutivo do rebanho.

As variáveis analisadas foram:

Y_1 = peso à desmama (kg) ajustado linearmente para 240 dias;

$$Y_1 = PN + (PD - PN)/I_1 \times 240$$

Y_2 = peso ajustado linearmente para 365 dias;

$$Y_2 = Y_1 + (P_{12} - PD)/(I_2 - I_1) \times 125$$

sendo:

PN = peso observado ao nascimento, em kg;

PD = peso observado à desmama, em kg;

I_1 = idade à desmama, em dias;

I_2 = idade à pesagem P_{12} , em dias;

P_{12} = peso observado aos 365 dias, em kg;

3.1.2 Descrição da fazenda

A Fazenda Canchim está situada no município de São Carlos, Estado de São Paulo, aproximadamente a $22^{\circ}01'$ de latitude sul e $47^{\circ}53'$ de longitude a oeste de Greenwich.

O clima da região é do tipo Cwbi na classificação de Koppen, ou seja, é um climatropical de altitude de inverno seco. No período estudado, de 1982 a 1988, a temperatura mínima do mês mais frio (julho) foi de $12,8^{\circ}\text{C}$, e a máxima do mês mais quente foi $28,3^{\circ}\text{C}$ (fevereiro, novembro e dezembro). A maior precipitação pluvial média foi 273,7 mm em dezembro e a mínima de 13,2 mm em julho (Figura 1). O período de seca vai de abril a setembro e o de chuva de outubro a março. As médias mensais de temperatura, umidade do ar e precipitação pluvial, no período de 1982 a 1988, são apresentadas na Tabela 6.

A Fazenda Canchim ocupa uma área de 2.668 hectares, com topografia ondulada, com solos do tipo latossolo vermelho amarelo (50,0%), latossolo roxo ou terra roxa (30,0%) e arenito de Baurú (20,0%). As pastagens mais antigas eram constituídas de capim pangola (*Digitaria decumbens*, Stent), grama batatais (*Paspalum notatum*, Flüggé), capim colúcio (*Panicum maximum*, Jacq.), entre outras. Nos últimos anos foram introduzidas as espécies de *Brachiaria decumbens*, *Andropogon gavanus*, *B. brizantha* e *Pennisetum purpureum*.

Figura 1 - Médias mensais de temperatura (A), precipitação pluvial, mm e umidade relativa do ar, % (B), no município de São Carlos, SP, no período de 1982 a 1988.

Tabela 6 - Médias mensais de temperatura do ar (mínima, máxima e média), precipitação pluvial e umidade relativa do ar, em São Carlos, SP, no período de 1982 a 1988.

Meses	Temperatura do ar, C ^o			Precipitação pluvial, mm	Umidade relativa do ar, %
	mínima	máxima	média		
janeiro	19,2	28,0	23,0	231,9	80,0
fevereiro	19,5	28,3	23,1	153,6	76,9
março	18,7	27,7	22,5	184,7	81,2
abril	17,3	26,5	21,1	68,8	78,2
maio	15,2	25,0	19,1	90,4	74,4
junho	13,3	23,9	18,0	27,5	66,6
julho	12,8	24,0	18,5	13,2	66,4
agosto	14,6	26,2	19,6	37,7	64,2
setembro	15,3	26,1	20,3	71,2	66,6
outubro	17,1	28,3	22,5	80,7	66,8
novembro	18,5	28,3	22,3	137,5	74,3
dezembro	18,6	27,0	22,4	273,7	80,6

Fonte: Posto meteorológico de São Carlos, 7^o Distrito do Departamento Nacional de Meteorologia (DINEMET), Ministério da Agricultura

3.1.3 O gado Canchim

O rebanho Canchim é constituído de animais bimestiços resultantes do acasalamento de touros $5/8$ Charolês + $3/8$ Zebu com vacas também $5/8$ Charolês + $3/8$ Zebu, cujo património genético aproximado tem 62,5 % de genes de Charolês (*Bos taurus*) e 37,5 % de genes de Zebu (*Bos indicus*). De acordo com VIANNA et alii (1978) são animais de bom desenvolvimento e de ótima conformação para açougue, parecendo reunir em sua constituição as qualidades desejáveis do Charolês - conformação para corte e precocidade, aliadas à grande rusticidade do Zebu.

A formação do gado Canchim foi idealizada pelo médico veterinário Antonio Teixeira Vianna, com início em 1940 na Fazenda Canchim, município de São Carlos, SP, sendo que os primeiros mestiços nasceram no ano de 1953.

Os animais da raça Canchim possuem pelagem de coloração baia com matizes amarelas, vermelhas, cinza e branca; pele e mucosa de pigmentação escura com pelos curtos e brilhantes. Tem conformação típica de animal de açougue com linha dorsal reta, possuem temperamento ativo, porém de fácil manejo, adaptando-se bem ao regime de pastejo. Tem grande tolerância ao calor e, apresentam boa resistência aos ectoparasitos.

3.2 MÉTODOS

3.2.1 Teoria dos métodos de soluções explícitas

A seguir será apresentada uma descrição teórica dos métodos iterativos utilizados no presente trabalho: MIVQUE, ML e REML.

3.2.1.1 MIVQUE - "Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation"

O método MIVQUE desenvolvido por RAO (1971) produz estimativas de variâncias e covariâncias com as propriedades:

- quadráticas em Y ;
- translação invariante;
- não viciadas;
- localmente melhores;
- localmente melhores. Se $\tilde{G} = G$ e $\tilde{R} = R$ (onde $\tilde{G}$ e $\tilde{R}$ são matrizes de valores iniciais, o estimador MIVQUE tem variância amostral mínima na classe dos estimadores quadráticos não viciados e com translação constante. Este método aplica-se a qualquer matriz de incidência, utiliza todos os parentescos entre os animais e, além disso, controla os vícios decorrentes de seleção sequencial (HENDERSON, 1985c).

A teoria do MIVQUE baseia-se nas quadráticas de LaMOTTE (1971), citado em HENDERSON (1984; 1986b). Inicialmente reescreve-se a $Var(Y)$ em (7) para:

$$\tilde{V} = V_1 \tilde{\theta}_1 + V_2 \tilde{\theta}_2 + \dots \quad (29)$$

em que $\tilde{\theta}_i$ é uma estimativa de θ_i . O termo $V_i \tilde{\theta}_i$ pode representar $ZG_i Z' g_{ii}$ ou $R_i r_{ii}$. LaMOTTE provou que as k quadráticas seguintes quando igualadas às suas esperanças produzem estimativas MIVQUE.

$$(Y - X\beta^0)' \tilde{V}^{-1} V_i V_i^{-1} (Y - X\beta^0) \quad i = 1, 2, \dots, k \quad (30)$$

onde β^0 é qualquer solução de $X' \tilde{V}^{-1} X \beta^0 = X' \tilde{V}^{-1} Y$. HENDERSON (1963) provou que:

$$\hat{u} = \tilde{G} Z' \tilde{V}^{-1} (Y - X\beta^0) \quad (31)$$

E como descrito em HENDERSON (1984):

$$\hat{e} = \tilde{R} \tilde{V}^{-1} (Y - X\beta^0) \quad (32)$$

As matrizes $\tilde{G}$ e $\tilde{R}$ podem ser escritas na forma:

$$\tilde{G} = G_1 \tilde{\theta}_1 + G_2 \tilde{\theta}_2 + \dots \quad (33)$$

$$\tilde{R} = R_1 \tilde{\alpha}_1 + R_2 \tilde{\alpha}_2 + \dots \quad (34)$$

onde $\tilde{\theta}$ e $\tilde{\alpha}$ são valores iniciais de g_{ii} e r_{ii} .

Considerando-se a inversa generalizada C de (4),

HENDERSON (1984b) demonstrou que:

$$\hat{u} = C_2 W' R^{-1} Y \quad e, \quad (35)$$

$$\text{Var}(\hat{u}) = C_2 W' R^{-1} Y [\text{Var}(Y)] R^{-1} W C_2' \quad (36)$$

$$\hat{e} = Y - X\beta^0 - Z\hat{u} = Y - W \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{u} \end{bmatrix} = (I - WCW'R^{-1})Y = T'Y \quad (37)$$

$$\text{Var}(\hat{e}) = T' [\text{Var}(Y)] T \quad (38)$$

sendo $W = [X \ IZ]$ e, I matriz identidade de ordem n .

Através de (4) e do fato que $\tilde{G} \tilde{G}^{-1} = I$ e $\tilde{R} \tilde{R}^{-1} = I$, HENDERSON (1984) desenvolveu quadráticas em $\hat{u}$ e $\hat{e}$ equivalentes aos resultados de LaMOTTE, não necessitando de V^{-1} , geralmente uma matriz de dimensão muito grande. Essas quadráticas em $\hat{u}$ e $\hat{e}$ são:

$$\hat{u}' Q_i \hat{u} \quad (39)$$

$$\hat{e}' P_j \hat{e} \quad (40)$$

As matrizes Q_i e P_j são dadas por:

$$Q_i = \tilde{G}^{-1} G_i \tilde{G}^{-1} \quad (41)$$

$$P_j = \tilde{R}^{-1} R_j \tilde{R}^{-1} \quad (42)$$

Finalmente, no caso de i e j características em um modelo genético aditivo, com os animais ordenados dentro de características, e estas observadas em todos os animais as formas quadráticas resultam em (HENDERSON, 1984; 1986b):

$$\hat{u}_i' A^{-1} \hat{u}_j \quad (43)$$

$$\hat{e}_i' \hat{e}_j \quad (44)$$

Os vetores $\hat{u}_i$ e $\hat{u}_j$ são BLUP de valores genéticos e $\hat{e}_i$ e $\hat{e}_j$ são BLUP de erros da i -ésima e j -ésima característica, respectivamente. Considerando-se que $\hat{u}$ e $\hat{e}$ são constituídos de elementos aleatórios com médias nulas, as estimativas de variâncias são obtidas quando se igualam as quadráticas de (43) e (44) às suas esperanças (SEARLE,

1971):

$$E(\hat{u}' A^{-1} \hat{u}) = \text{tr}(A^{-1} \text{Var}(\hat{u})) \quad (45)$$

$$E(\hat{e}' \hat{e}) = \text{tr}[\text{Var}(\hat{e})] \quad (46)$$

O sistema de equações para as estimativas $\hat{g}_{ij}$ e $\hat{r}_{ij}$,

(i, j = 1, 2, ..., c) fica:

$$\text{tr}[A^{-1} \text{Var}(\hat{u}_i)] = \hat{u}_i' A^{-1} \hat{u}_j \quad (47)$$

$$\text{tr}[\text{Var}(\hat{e}_i)] = \hat{e}_i' \hat{e}_j \quad (48)$$

3.2.1.2 ML - "Maximum Likelihood"

O método ML foi desenvolvido por HARTLEY e RAO (1967) com o propósito de estimar os efeitos fixos e componentes de variâncias simultaneamente em um processo unificado. Os estimadores ML são consistentes, assintoticamente normais, eficientes, e além disso não apresentam problemas de componentes negativos e de espaço de parâmetros. Para alguns tipos de delineamentos desbalanceados (HARVILLE, 1977) existem estimadores ML que apresentam as seguintes propriedades:

- melhores estimadores de solução local;
- translação constante;
- quadráticas não viciadas;
- variâncias uniformemente menores do que os estimadores de HENDERSON (1953).

Admitindo-se no modelo (1) que os valores de $Y \sim N_p(X\beta, V)$ e, $|V|$ o determinante de V , então a função de máxima verossimilhança, $L(\theta)$, para o vetor $\theta = (g_{11}, g_{12}, \dots, r_{11}, r_{12}, \dots)$ é:

$$L(\theta) = (2\pi)^{-N/2} |V|^{-1/2} \exp \{-1/2(Y-X\beta)' V^{-1} (Y-X\beta)\} \quad (49)$$

Exceto por uma constante, o logaritmo natural de $L(\theta)$ é dado por:

$$l(\theta) = -1/2 \log |V| - 1/2 (Y-X\beta)' V^{-1} (Y-X\beta) \quad (50)$$

Por definição, um estimador de ML ($\hat{\theta}$) é o valor de θ , o qual maximiza a verossimilhança da amostra, ou seja, são valores que satisfazem a $L(\theta) = \max l(\theta)$, e $\theta \in \Omega$, onde Ω representa o conjunto dos possíveis valores de θ . As deficiências do ML são:

- Não considera a perda de graus de liberdade (gl) dos efeitos fixos nos modelos de análise de variância ou modelos de regressão do tipo $Y = X\beta + \epsilon$. O estimador $\hat{\theta}$ é dado por $\theta(N - p^*)/N$, de modo que a estimativa de θ é viciada para menos por uma quantidade p^*/N , que pode ser significativa, se o número de gl dos efeitos fixos for suficientemente grande;
- os estimadores ML são obtidos sob a suposição de distribuição normal para os erros e efeitos aleatórios. Entretanto, HARVILLE (1977) afirmou que os estimadores de ML podem ser razoáveis sob outras formas de distribuição;
- para a maioria das situações, a obtenção dos estimadores requer solução iterativa.

O método ML descrito aqui baseou-se nas formas quadráticas em $\hat{u}$ e $\hat{e}$ descritas em HENDERSON (1984), cujas estimativas são dadas por (35) e (36), respectivamente, com variâncias:

$$\text{Var}(\hat{u}) = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} \quad (51)$$

$$\text{Var}(\hat{e}) = R - Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z' \quad (52)$$

A vantagem computacional das equações (51) e (52)

depende da facilidade de se inverter $(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}$, quando comparado com a obtenção de uma inversa generalizada da matriz de coeficientes do modelo misto.

3.2.1.3 REML - "REstricted Maximum Likelihood"

O método REML desenvolvido por PATTERSON & THOMPSON (1971), tem o propósito principal de eliminar vícios decorrentes de seleção apresentados pelo método ML na estimativa de β . O estimador REML de $\hat{\theta}$, consiste de um valor de θ que maximiza a função de verossimilhança baseada nos contrastes de erros dado por $L'Y$, que é independente dos efeitos fixos, em que L' é uma matriz $(n - r) \times n$ de posto $(n - r)$. Maximizar o contraste $L'Y$ significa obter um contraste cuja esperança é nula, ou seja, $E(L'Y) = 0$. A diferença básica entre o métodos REML e ML, é que o primeiro considera os graus de liberdade associados às estimativas de efeitos fixos, enquanto o segundo não. Por exemplo, em um modelo simples do tipo: $Y_i = \mu + e_i$ ($i=1, \dots, n$), com $\text{Var}(e) = I_n \sigma_e^2$, as estimativas de σ_e^2 por ML e REML são, respectivamente, $\hat{\sigma}_e^2 = (Y_i - \bar{Y}_.)^2 / n$ e $\hat{\sigma}_e^2 = (Y_i - \bar{Y})^2 / (n-1)$, com esperanças $(n-1)\sigma_e^2 / n$ e σ_e^2 , respectivamente.

A execução do REML é bastante trabalhosa e, com exceção dos delineamentos completamente balanceados, requer procedimentos iterativos (HENDERSON, 1984; LIN, 1988), sendo

o MIVQUE um dos algoritmos utilizados (HENDERSON, 1986b). São usados valores iniciais para as matrizes G e R , sendo a solução considerada como novos valores iniciais, e assim por diante, até ocorrer a convergência.

No caso de características multivariadas, deve-se verificar em cada iteração se a matriz de covariância estimada é positiva definida ou semi-positiva definida. Caso estes requisitos não sejam atendidos, deve-se recomeçar o processo com novos valores iniciais. Neste trabalho, o algoritmo utilizado foi o EM de DEMPSTER et alii. (1977), que é mais fácil de programar do que o MIVQUE iterativo. Quando se utilizam valores iniciais g_{ij} e r_{ij} de uma matriz positiva definida, a solução destas matrizes permanecerá positiva definida em cada iteração, até a convergência.

As esperanças das quadráticas são definidas por:

$$E(\hat{u}' Q \hat{u}) = \text{tr } Q \text{ var}(\hat{u}) \quad (53)$$

$$\text{var}(\hat{u}) = G - C_{22} = \sum_i \sum_{j>i} G_{ij}^* g_{ij} - C_{22} \quad (54)$$

$$E(\hat{e}' Q \hat{e}) = \text{tr } Q \text{ Var}(\hat{e}) \quad (55)$$

$$\text{var}(\hat{e}) = R - WCW' \quad (56)$$

No caso de duas características e com o uso de A , as quadráticas em $\hat{u}$ e $\hat{e}$ são $\hat{u}' A^{-1} \hat{u}$ e $\hat{e}' \hat{e}$. Considerando-se as esperanças e variâncias descritas de (45) a (48), o sistema de equações para a estimativa de g_{ij} fica:

$$\text{tr} [A^{-1} (G_1^{g_{11}} + G_2^{g_{22}} + G_3^{g_{22}})] = \hat{u}' A^{-1} \hat{u} + \text{tr} A^{-1} C_{22} \quad (57)$$

e para r_{ij} são:

$$\text{tr} [R_1 r_{11} + R_2 r_{22} + R_3 r_{22}] = \hat{e}' \hat{e} \quad (58)$$

3.2.2 Análise univariada do peso à desmama e peso aos doze meses.

O modelo matemático considerado na caso de análise de variância univariada é o seguinte:

$$Y_{ijklmn} = \mu + S_i + E_j + A_k + (EA)_{jk} + I_l + T_m + e_{ijklmn} \quad (59)$$

$$i, j = 1, 2$$

$$k = 1, \dots, 7$$

$$l = 1, \dots, 8$$

$$m = 1, \dots, 52$$

$$n = 1, \dots, n_{ijklm}$$

Y = peso à desmama (Y₁) ou peso aos doze meses (Y₂);

μ = efeito médio;

S = efeito de sexo (fixo);

E = efeito de época de nascimento (fixo);

A = efeito do ano de nascimento (fixo);

I = efeito de idade da vaca (fixo);

T = efeito de touros (aleatório);

e = erro (aleatório).

Inicialmente, o efeito de geração (1, 2 e 3) foi incluído no modelo, e a análise de variância executada considerando todos os efeitos principais e interações duplas. Os fatores que não influenciaram ($P \geq 0,05$) Y₁ e Y₂ foram desconsiderados, e a análise reexecutada conforme (59).

As estimativas de componentes de variâncias de Y₁ e Y₂, independentemente, foram obtidas considerando-se quatro métodos: método 3, ML, REML e MIVQUE(o).

a) Método 3

As estimativas de variâncias e covariâncias foram obtidas através do "software" HARVEY (HARVEY, 1985), considerando-se duas etapas (I, II) conforme a Tabela 7.

Tabela 7 - Método 3 de HENDERSON em que (I) é a redução devida aos efeitos fixos ajustados para o efeito aleatório de touros; (II) obtenção das estimativas de componentes de variâncias entre touros e residuais.

I) Estimativa dos efeitos fixos (F) ajustados para o efeito aleatório de touros (T).

Causa de variação	G.L.	S.Q.
Redução devida aos		
efeitos fixos	23	$R(\mu, T, F) - R(\mu, T)$
$\mu - \bar{Y}$	1	$(\hat{\mu} - \bar{Y}) C^{-1} (\hat{\mu} - \bar{Y})$
Sexo: S	1	$\hat{B}'_S C^{-1}_S \hat{B}_S$
Anos: A	6	$\hat{B}'_A C^{-1}_A \hat{B}_A$
Épocas: E	1	$\hat{B}'_E C^{-1}_E \hat{B}_E$
Idade da vaca: V	8	$\hat{B}'_V C^{-1}_V \hat{B}_V$
Interação A x E	6	$\hat{B}'_{AE} C^{-1}_{AE} \hat{B}_{AE}$
Resíduo (1)	1.102	$Y'Y - R(\mu, F)$
Total	1.125	$Y'Y$

II) As i -equações $(\mu + \text{Touro}_i)$ são absorvidas dentro das equações para todos os efeitos fixos.

Causa de variação	G.L.	S.Q.	E(Q.M)
Touros	51	Resíduo(1)-Resíduo(2)	$r_{ii} + Kg_{ii}$
Redução devida aos efeitos fixos	22	$R(\mu, T, F) - R(\mu, T)$	
Sexo: S	1	$\hat{B}'_S C_S^{-1} \hat{B}_S$	
Anos: A	6	$\hat{B}'_A C_A^{-1} \hat{B}_A$	
Épocas: E	1	$\hat{B}'_E C_E^{-1} \hat{B}_E$	
Idade da vaca: V	8	$\hat{B}'_V C_V^{-1} \hat{B}_V$	
Interação A x E	6	$\hat{B}'_{AE} C_{AE}^{-1} \hat{B}_{AE}$	
Resíduo (2)	1.051	$Y'Y - R(\mu, T, F)$	r_{ii}

Obs:

S.Q. touros = Resíduo(1) - Resíduo(2);

$\hat{r}_{ii} = E[\text{Q.M. do Resíduo}(2)]$;

$\hat{g}_{ii} = (\text{Q.M.T.} - \hat{r}_{ii})/K_i$.

Nas estimativas acima Q.M.T significa quadrado médio entre touros, sendo o valor de K_i obtido de acordo com HARVEY (1985).

O termo $R(\cdot)$ indica a redução na soma de quadrados devida ao ajustamento dos efeitos contidos em $R(\cdot)$. A soma de quadrados para o i -ésimo efeito fixo é dada

por $\hat{\mathbf{B}}_i' \hat{\mathbf{C}}_i^{-1} \hat{\mathbf{B}}_i$, em que $\hat{\mathbf{B}}_i'$ é o vetor linha das estimativas das constantes para o efeito i , e $\hat{\mathbf{C}}_i^{-1}$ a inversa da sub-matriz de $\mathbf{C}$, definida em (4) correspondendo em linhas e colunas ao i -ésimo efeito.

b) ML

As estimativas de variâncias de ML foram obtidas através do procedimento VARCOMP do SAS (SAS Institute Inc., 1985, p.817), que utiliza a matriz de transformação $\mathbf{W}$ (HEMMERLE & HARTLEY, 1973) em conjunção com o método de NEWTON-RAPHSON modificado considerando as fórmulas abaixo, para $i = 1, 2$.

$$\hat{g}_{ii} = [\hat{\mathbf{u}}_i' \hat{\mathbf{u}}_i + \hat{r}_{ii} \text{tr}(\mathbf{Z}_i' \mathbf{Z}_i * 1/\hat{r}_{ii} + \hat{r}_{ii}/\hat{g}_{ii} * \mathbf{I}_n)]/q \quad (60)$$

$$\hat{r}_{ii} = \mathbf{Y}_i' (\mathbf{Y}_i - \mathbf{X}_i \hat{\boldsymbol{\beta}}_i - \mathbf{Z}_i \hat{\mathbf{u}}_i)/n \quad (61)$$

c) REML

As estimativas são obtidas de maneira semelhante às de ML.

$$\hat{g}_{ii} = (\hat{\mathbf{u}}_i' \hat{\mathbf{u}}_i + \hat{g}_{ii} \text{tr } \mathbf{C}_{22})/q \quad (62)$$

$$\hat{r}_{ii} = \mathbf{Y}_i' (\mathbf{Y}_i - \mathbf{X}_i \hat{\boldsymbol{\beta}}_i - \mathbf{Z}_i \hat{\mathbf{u}}_i)/[n - \text{posto}(\mathbf{X})] \quad (63)$$

As fórmulas definidas de (60) a (63) são

encontradas em vários trabalhos, por exemplo (HARVILLE, 1977), em que os vetores e matrizes $\hat{Y}$, X , $\hat{\beta}$, Z , $\hat{u}$ e C_{22} são definidos em (1), (3) e (4); I_n é a matriz identidade de ordem n (n = número de observações), q o número de touros e "tr" significa a operação traço matricial. As estimativas $\hat{g}_{ij}$ e $\hat{r}_{ij}$ à esquerda das expressões são obtidas na iteração de ordem $k+1$, e aquelas à direita, obtidas na iteração de ordem k .

d) MIVQUE(o)

O MIVQUE(o) é um método aproximado de variância quadrática mínima não viciada; em que se considera, por pressuposição, a razão de variância $r_{ij}/g_{ij} = 0$, daí o nome MIVQUE(o). As estimativas de componentes de variâncias foram obtidas através do procedimento VARCOMP do SAS, e usadas como valores iniciais dos métodos ML e REML. Maiores detalhes sobre como estimar componentes de variâncias por este método podem ser vistos em HENDERSON (1984, pág. 173).

3.2.3 Análise multivariada do peso à desmama e peso aos doze meses

O modelo linear geral assumido para as características peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2) foi:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad (64)$$

sendo:

$Y_1(Y_2)$ = vetor de registros de pesos observados à desmama (peso aos doze meses);

$\beta_1(\beta_2)$ = vetor de efeitos fixos associados aos dados de peso à desmama (peso aos doze meses): média, sexo, época ano de nascimento, interação época x ano de nascimento e idade da vaca ao parto (anos);

$X_1(X_2)$ = matriz de incidência conhecida que associa pesos à desmama (peso aos doze meses) aos efeitos fixos de $\beta_1(\beta_2)$. Inclui zeros e uns, relacionados a níveis diferentes de cada fator.

$u_1(u_2)$ = vetor aleatório não observável associado ao peso à desmama (peso aos doze meses);

$Z_1(Z_2)$ = matriz de incidência conhecida, relacionando pesos à desmama (pesos aos doze meses) aos elementos de $u_1(u_2)$. As linhas de Z são linearmente independentes entre si, e das colunas de X ;

$e_1(e_2)$ = vetor aleatório representando fatores ambientais peculiares a cada registro de peso à desmama (pesos aos doze meses).

As variâncias de $\hat{u}$ e $\hat{e}$ com cada indivíduo avaliado para Y_1 e Y_2 e ainda com os animais ordenados dentro de características de acordo com (8) e (9) são:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}G_{11} & g_{12}G_{12} \\ g_{12}G_{12} & g_{22}G_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A \\ g_{12}A & g_{22}A \end{bmatrix} = G_o \otimes A \quad (65)$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{11}R_{11} & r_{12}R_{12} \\ r_{12}R_{12} & r_{22}R_{22} \end{bmatrix} = R_o \otimes R_{ij} \quad (66)$$

De (65) e (66) obtém-se:

$$G^{-1} = G_o^{-1} \otimes A^{-1} \quad (67)$$

$$R^{-1} = R_o^{-1} \otimes R_{ij}^{-1} \quad (68)$$

sendo:

$$G^{-1} = \begin{bmatrix} g_{11}A^{-1} & g_{12}A^{-1} \\ g_{12}A^{-1} & g_{22}A^{-1} \end{bmatrix} \quad (69)$$

$$R^{-1} = \begin{bmatrix} r_{11}R^{-1} & r_{12}R^{-1} \\ r_{12}R^{-1} & r_{22}R^{-1} \end{bmatrix} \quad (70)$$

A matriz A^{-1} de ordem 65 foi inicialmente obtida de acordo com HENDERSON (1976b), sendo a estrutura de parentesco apresentada na Tabela 8; a matriz A^{-1} de ordem 52, usada na análise multivariada, foi obtida através de partição de matriz (SEARLE, 1971).

Tabela 8 - Estrutura do parentesco entre touros usada no cálculo da matriz A^{-1} , de acordo com HENDERSON (1976b)

ANIMAL			ANIMAL			ANIMAL		
N	O	PAI	N	O	PAI	N	O	PAI
947	1	0	1230	23	5	1957	45	18
1665	2	0	1284	24	7	2061	46	14
42	3	0	1302	25	2	2122	47	19
82	4	0	1394	26	1	2128	48	21
259	5	0	1420	27	11	2153	49	17
335	6	0	1424	28	1	2175	50	21
358	7	0	1425	29	1	2158	51	22
451	8	0	1432	30	11	2169	52	18
511	9	0	1476	31	7	2188	53	21
512	10	0	1539	32	7	2243	54	18
513	11	0	1583	33	4	2252	55	21
526	12	0	1589	34	4	2287	56	18
769	13	0	1672	35	15	2362	57	19
801	14	3	1673	36	10	2403	58	14
881	15	0	1679	37	12	2426	59	25
1155	16	5	1693	38	6	2627	60	34
1175	17	4	1711	39	10	2635	61	34
1180	18	9	1744	40	5	2697	62	32
1193	19	9	1753	41	6	2733	63	36
1197	20	8	1784	42	6	2767	64	38
1226	21	7	1910	43	6	2956	65	41
1227	22	4	1911	44	13			

N = número original do animal;

O = os animais são ordenados pela idade e numerados consecutivamente de 1 a n;

PAI = os pais desconhecidos são identificados por zero; são considerados não relacionados e, representam a população base.

A solução dos parâmetros do modelo descrito em (64), de acordo com HENDERSON & GUAAAS (1976) é dada por:

$$\begin{bmatrix} \beta^0 \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{12} & C_{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} t_1 \\ t_2 \end{bmatrix} \quad (71)$$

em que:

$$C_{11} = X' R^{-1} X = \begin{bmatrix} r^{11} X_1' X_1 & r^{12} X_1' X_2 \\ r^{12} X_2' X_1 & r^{22} X_2' X_2 \end{bmatrix} \quad (72)$$

$$C_{12} = X' R^{-1} Z = \begin{bmatrix} r^{11} X_1' Z_1 & r^{12} X_1' Z_2 \\ r^{12} X_2' Z_1 & r^{22} X_2' Z_2 \end{bmatrix} \quad (73)$$

$$C_{22} = Z' R^{-1} Z + G^{-1} = \begin{bmatrix} r^{11} Z_1' Z_1 + g^{11} A^{-1} & r^{12} Z_1' Z_2 + g^{12} A^{-1} \\ r^{12} Z_2' Z_1 + g^{12} A^{-1} & r^{22} Z_2' Z_2 + g^{22} A^{-1} \end{bmatrix} \quad (74)$$

$$t_1 = X' R^{-1} Y = \begin{bmatrix} X_1' (r^{11} Y_1 + r^{12} Y_2) \\ X_2' (r^{12} Y_1 + r^{22} Y_2) \end{bmatrix} \quad (75)$$

$$t_2 = Z' R^{-1} Y = \begin{bmatrix} Z_1' (r^{11} Y_1 + r^{12} Y_2) \\ Z_2' (r^{12} Y_1 + r^{22} Y_2) \end{bmatrix} \quad (76)$$

A matriz X do modelo em (59) foi formada com restrição sobre as equações de quadrados mínimos, gerando uma matriz de posto coluna completo de ordem 23 (número de efeitos fixos).

$$\sum_i \hat{S}_i = \sum_j \hat{E}_j = \sum_k \hat{A}_k = 0;$$

$$\sum_j (\hat{EA})_{jk} = \sum_k (\hat{EA})_{jk} = 0;$$

Os métodos iterativos utilizados para estimativas de variâncias considerando o modelo multivariado foram o IHSM (MIVQUE aproximado), ML e REML.

a) IHSM

A metodologia do IHSM utilizada neste trabalho baseia-se na descrição teórica do método do MIVQUE, apresentado em 4.2.1.1 e na metodologia de absorção dos efeitos fixos para duas características de acordo com BERTRAND & KRIESE (1990).

O sistema de equações considerando a absorção dos efeitos fixos resulta em:

$$\begin{bmatrix} Q_{11} + g^{11}A^{-1} & Q_{12} + g^{12}A^{-1} \\ Q_{12} + g^{12}A^{-1} & Q_{22} + g^{22}A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{u}_1 \\ \hat{u}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Z_1' M_{11} Y_1 + Z_1' M_{12} Y_2 \\ Z_2' M_{12} Y_1 + Z_2' M_{22} Y_2 \end{bmatrix} \quad (77)$$

As matrizes que compõem o sistema de equações acima são obtidas como segue:

$$Q_{11} = (K_1 - K_2) * 1/r_{11} + K_2 * r^{11};$$

$$Q_{12} = K_2 * r^{12};$$

$$Q_{22} = K_2 * r^{22};$$

$$K_1 = Z_1' M_{11} Z_1;$$

$$K_2 = Z_2' M_{22} Z_2;$$

$$K_3 = Z_1' M_{11} Y_1;$$

$$K_4 = Z_2' M_2 Y_1;$$

$$K_5 = Z_2' M_2 Y_2;$$

$$M_1 = I - X_1 (X_1' X_1)^{-1} X_1';$$

$$M_2 = J - X_2 (X_2' X_2)^{-1} X_2';$$

$$Z_1' M_{11} Y_1 = (K_3 - K_4) * 1/r_{11} + K_4 * r^{11};$$

$$Z_1' M_{12} Y_2 = K_5 * r^{12};$$

$$Z_2' M_{12} Y_1 = K_4 * r^{12};$$

$$Z_2' M_{22} Y_2 = K_5 * r^{22};$$

As estimativas de $\hat{u}_1$ e $\hat{u}_2$ são obtidas através do sistema de equações (78). As soluções são aproximadas, pois, usa-se a diagonal da matriz de coeficientes.

$$\begin{bmatrix} \hat{u}_1 \\ \hat{u}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} D^{11} & D^{12} \\ D^{12} & D^{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Z_1' M_{11} Y_1 + Z_1' M_{12} Y_2 \\ Z_2' M_{12} Y_1 + Z_2' M_{22} Y_2 \end{bmatrix} \quad (78)$$

sendo:

$$\begin{bmatrix} D^{11} & D^{12} \\ D^{12} & D^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} D_{11} & D_{12} \\ D_{12} & D_{22} \end{bmatrix}^{-1} \quad (79)$$

em que:

$$D_{11} = \text{diag} (\theta_{11} + g^{11} A^{-1})$$

$$D_{12} = \text{diag} (\theta_{12} + g^{12} A^{-1})$$

$$D_{22} = \text{diag} (\theta_{22} + g^{22} A^{-1})$$

Os elementos g^{ij} ($i, j = 1, 2$) são definidos em (69).

Neste trabalho todos os animais tinham informações para Y_1 e Y_2 , e o mesmo modelo foi adotado. Assim, foi utilizado as seguintes simplificações matriciais:

$$X_1 = X_2 = X; \quad Z_1 = Z_2 = Z; \quad M_1 = M_2 = M;$$

Com as soluções $\hat{u}_1$ e $\hat{u}_2$ obtidas de (78), as estimativas de componentes de variâncias e covariâncias genéticas e residuais são obtidas por igualar as seis quadráticas $\hat{u}_1' A^{-1} \hat{u}_1$, $\hat{u}_1' A^{-1} \hat{u}_2$, $\hat{u}_2' A^{-1} \hat{u}_2$, $Y_1' M Y_1$, $Y_1' M Y_2$ e $Y_2' M Y_2$ às suas esperanças.

$$i) E [\hat{u}_1' A^{-1} \hat{u}_1] =$$

$$\text{tr } A^{-1} \left[\left[\sum_i \sum_j t_{11ij} M_{11ij} \right] g_{11} + \right.$$

$$\left. \left[\left(\sum_i \sum_j t_{1ij2} M_{11ij} \right) + \left(\sum_i \sum_j t_{i21j} M_{11ij} \right) \right] g_{12} + \right.$$

$$\left. \left[\sum_i \sum_j t_{1ij2} M_{11ij} \right] g_{22} + \right.$$

$$\left. \left[\sum_i \sum_j t_{11ij} N_{11ij} \right] r_{11} + \right.$$

$$\left. \left[\left(\sum_i \sum_j t_{1ij2} N_{11ij} \right) + \left(\sum_i \sum_j t_{i21j} N_{11ij} \right) \right] r_{12} + \right.$$

$$\left. \left[\sum_i \sum_j t_{1ij2} N_{11ij} \right] r_{22} \right]$$

$$ii) E [u_1^* A^{-1} u_2^*] =$$

$$\begin{aligned} \text{tr } A^{-1} &= E \left[\sum_i \sum_j t_{1i1j} M_{1i1j2} \right] g_{11} + \\ &E \left[\left(\sum_i \sum_j t_{1i1j2} M_{1i1j2} \right) + \left(\sum_i \sum_j t_{i21j} M_{1i1j2} \right) \right] g_{12} + \\ &E \left[\sum_i \sum_j t_{i2j2} M_{1i1j2} \right] g_{22} + \\ &E \left[\sum_i \sum_j t_{1i1j} N_{1i1j2} \right] r_{11} + \\ &E \left[\left(\sum_i \sum_j t_{1i1j2} N_{1i1j2} \right) + \left(\sum_i \sum_j t_{i21j} N_{1i1j2} \right) \right] r_{12} + \\ &E \left[\sum_i \sum_j t_{i2j2} N_{1i1j2} \right] r_{22} \end{aligned}$$

$$\text{iii) } E [\hat{u}_2' A^{-1} \hat{u}_2] =$$

$$\begin{aligned} & \text{tr } A^{-1} \left(\left[\sum_i \sum_j t_{11ij} M_{12j2} \right] g_{11} + \right. \\ & \quad \left. \left[\left(\sum_i \sum_j t_{11j2} M_{12j2} \right) + \left(\sum_i \sum_j t_{121j} M_{12j2} \right) \right] g_{12} + \right. \\ & \quad \left. \left[\sum_i \sum_j t_{12j2} M_{12j2} \right] g_{22} + \right. \\ & \quad \left. \left[\sum_i \sum_j t_{11ij} N_{12j2} \right] r_{11} + \right. \\ & \quad \left. \left[\left(\sum_i \sum_j t_{11j2} N_{12j2} \right) + \left(\sum_i \sum_j t_{121j} N_{12j2} \right) \right] r_{12} + \right. \\ & \quad \left. \left[\sum_i \sum_j t_{12j2} N_{12j2} \right] r_{22} \right) \end{aligned}$$

$$\text{iv) } E (Y_1' M Y_1) = \text{tr } (A^{-1} Z M Z) g_{11}$$

$$\text{v) } E (Y_1' M Y_2) = \text{tr } (A^{-1} Z M Z) g_{12}$$

$$\text{vi) } E (Y_2' M Y_2) = \text{tr } (A^{-1} Z M Z) g_{22}$$

onde:

$$P = Z' M Z A Z' M Z; \quad Q = Z' M M Z = Z' M Z;$$

$$t_{1111} = r^{11} r^{11}; \quad M_{1111} = \text{tr } A^{-1} D^{11} P D^{11}; \quad N_{1111} = \text{tr } A^{-1} D^{11} Q D^{11}$$

$$t_{1112} = r^{11} r^{12}; \quad M_{1112} = \text{tr } A^{-1} D^{11} P D^{12}; \quad N_{1112} = \text{tr } A^{-1} D^{11} Q D^{12}$$

$$t_{1122} = r^{11} r^{22}; \quad M_{1122} = \text{tr } A^{-1} D^{11} P D^{22}; \quad N_{1122} = \text{tr } A^{-1} D^{11} Q D^{22}$$

$$t_{1212} = r^{12} r^{12}; \quad M_{1212} = \text{tr } A^{-1} D^{12} P D^{12}; \quad N_{1212} = \text{tr } A^{-1} D^{12} Q D^{12}$$

$$t_{1222} = r^{12} r^{22}; \quad M_{1222} = \text{tr } A^{-1} D^{12} P D^{22}; \quad N_{1222} = \text{tr } A^{-1} D^{12} Q D^{22}$$

$$t_{2211} = r^{11} r^{11}; \quad M_{2222} = \text{tr } A^{-1} D^{22} P D^{22}; \quad N_{2222} = \text{tr } A^{-1} D^{22} Q D^{22}$$

Os elementos $r^{ij} r^{ij}$ ($i, j = 1, 2$) são definidos em (70).

Com a solução do sistema de equações acima, estimam-se os componentes de variâncias genética e residual, à direita das equações. Estas estimativas são utilizadas na formação dos sistemas de (77) a (79); novas estimativas são obtidas, e o processo continua até a convergência.

b) ML

O algoritmo de ML utilizado neste trabalho baseou-se nas formas quadráticas em $\hat{u}$ e $\hat{e}$ descritas em HENDERSON (1984). As duas características: peso à desmama (Y_1) e peso aos 12 meses (Y_2), foram consideradas correlacionadas, uma vez que as duas observações foram feitas no mesmo indivíduo. Através das notações em (51) e (52) e o algoritmo descrito por ROTHSCCHILD et alii (1979), definiu-se a matriz T:

$$T = (R \otimes Z'Z + G \otimes A^{-1})^{-1} = \begin{bmatrix} T_{11} & T_{12} \\ T_{12} & T_{22} \end{bmatrix} \quad (80)$$

A matriz T corresponde à inversa da submatriz C_{22} definida em (74).

As estimativas para g_{ij} e r_{ij} ($i, j = 1, 2$), na k-ésima iteração, com o uso da matriz numerador de parentesco A, são dadas por:

$$\hat{g}_{ij(k+1)} = (\hat{u}'_{i(k)} A^{-1} \hat{u}_{j(k)} + \text{tr} [A^{-1} T_{ij(k)}]) / q \quad (81)$$

e

$$\hat{r}_{ij(k+1)} = [\hat{e}'_{i(k)} \hat{e}_{j(k)} + \text{tr}(Z'_i T_{ij} Z_j)] / n \quad (82)$$

Nas expressões acima, $\hat{e}_i = Y_i - X_i \hat{\beta}_i - Z_i \hat{u}_i$, sendo $\hat{\beta}_i$ e $\hat{u}_i$ soluções do sistema de equações (71); "q" é a ordem de $\hat{u}$, e "n" o número de observações.

c) REML

As estimativas para g_{ij} e r_{ij} obtidas através do algoritmo EM (DEMPSTER et alii, 1977) na k-ésima iteração são:

$$\hat{g}_{ij(k+1)} = [\hat{u}'_{i(k)} A^{-1} \hat{u}_{j(k)} + \text{tr} [A^{-1} C^*_{ij(k)}]] / q \quad (83)$$

e

$$\hat{r}_{ij(k+1)} = [\hat{e}'_{i(k)} \hat{e}_{j(k)} + \text{tr} B_{ij(k)}] / (n - \text{posto}(X)) \quad (84)$$

Em (83), $C^*_{ij} = [C_{22} - C'_{12}(C_{11})^{-1}C_{12}]^{-1}$, em que as matrizes C_{11} , C_{12} e C_{22} são definidas em (72), (73) e (74). B_{ij} é uma submatriz de WCW' , correspondente ao ij-ésimo par de característica onde C é a inversa generalizada da matriz de coeficientes de (71), sendo $W = [X : Z]$; em que as matrizes X e Z são expandidas para duas características conforme o modelo (64). As estimativas $\hat{u}_i$, $\hat{e}_i$ e as constantes "q" e "n" são definidas no método ML.

O cálculo matricial envolvido na execução dos métodos multivariados: IHSM, ML e REML foi realizado de acordo com o software "SOC" (EMBRAPA/NTIA).

A norma da matriz de diferenças das estimativas dos parâmetros foi usada como um critério de convergência.

$$|| \hat{G}^{(k+1)} - \hat{G}^{(k)} || / || \hat{G}^{(k)} || < 10^{-4} \quad (85)$$

$$|| \hat{R}^{(k+1)} - \hat{R}^{(k)} || / || \hat{R}^{(k)} || < 10^{-4} \quad (86)$$

3.2.4 Justificativas dos efeitos fixos incluídos no modelo

a) Sexo

O dimorfismo sexual sobre o peso em bovinos tem sido verificado por muitos pesquisadores. Uma possível explicação é ação de hormônios sexuais diferentes e o período de gestação mais longo nos machos (MORTARI, 1976), proporcionando conseqüentemente maior peso ao nascimento, vantagens que tendem a se manter nas idades subseqüentes do animal.

Superioridade do desenvolvimento ponderal de machos nas raças zebuínas e Canchim tem sido verificado para várias idades. No peso ao nascimento (TORRES, 1961; FELÍCIO, 1975; MORTARI, 1976; FIGUEIREDO et alii, 1978; OLIVEIRA, 1977) para a raça Nelore; TORRES (1961) para a raça Indubrasil; TORRES (1961); MIRANDA (1973), FELÍCIO (1975) para a raça Guzerá e Gir; OLIVEIRA (1977); PACKER (1977) e

OLIVEIRA (1979) para a raça Canchim. No peso ao desmame, OLIVEIRA (1977); PACKER (1977) e OLIVEIRA (1979) para a raça Canchim e ALENCAR et alii (1982) para mestiços Charolês-Nelore. Para o peso a um ano, FREITAS (1975) para a raça Guzerá; FIGUEIREDO et alii, (1978); MONTEIRO (1977) para a raça Nelore e OLIVEIRA (1979) para a raça Canchim. No peso aos 18 meses FIGUEIREDO et alii, (1978); MONTEIRO (1977) para a raça Nelore e VIANNA et alii (1970) para a raça Canchim. Para o peso aos 24 meses, FIGUEIREDO et alii, (1978) para a raça Nelore e OLIVEIRA (1979) para a raça Canchim.

b) Ano de nascimento

O efeito do ano de nascimento sobre o peso de animais das raças zebuínas e Canchim tem sido verificado em vários trabalhos. No peso ao nascimento, TORRES (1961); FELÍCIO (1975) e MORTARI (1976) para a raça Nelore; TORRES (1961) e FELÍCIO (1975) para a raça Guzerá; OLIVEIRA (1977) e PACKER (1977) para a raça Canchim. No peso à desmama, OLIVEIRA (1977); PACKER (1977) e OLIVEIRA (1979) para a raça Canchim.

c) Efeito de mês e/ou época de nascimento

Efeitos significativos de mês e/ou época de

nascimento nos pesos de bovinos zebuínos e da raça Canchim também tem sido encontrados por vários pesquisadores. No peso ao nascer, TORRES (1961); MIRANDA (1973) e FELÍCIO (1975) para a raça Guzará; TORRES (1961) para as raças Indubrasil e Gir; FELÍCIO (1975) e MORTARI (1976) para a raça Nelore; VIANNA et alii (1964) para a raça Charolês; OLIVEIRA (1977) e PACKER (1977) para a raça Canchim. No peso à desmama, FELÍCIO (1975) para as raças Guzará e Gir; PACKER (1977); OLIVEIRA (1979); ALENCAR et alii (1981) para a raça Canchim e ALENCAR et alii (1982) para a raça Nelore. No peso a um ano, VIANNA & MIRANDA (1948) para mestiços Charolês-Zebu; MONTEIRO (1977) e FIGUEIREDO et alii, (1978) para a raça Nelore.

d) Efeito da idade da vaca e/ou ordem de parição

Os efeitos de idade da vaca e/ou ordem de parição sobre o desenvolvimento ponderal de bovinos têm sido verificado em vários estudos. Há uma certa uniformidade dos resultados em relação ao peso ao nascimento e à desmama; entretanto, para as idades subseqüentes os resultados são controvertidos. Efeitos significativos da idade da vaca sobre o peso ao nascimento foram verificados por FELÍCIO (1975) para a raça Gir e MORTARI (1976) para a raça Nelore; OLIVEIRA (1977), PACKER (1977) e OLIVEIRA (1979) para a raça Canchim. Para o peso à desmama, FELÍCIO (1975) e MORTARI

(1976) para a raça Nelore; FELÍCIO (1975) para as raças Guzerá e Gir; OLIVEIRA (1977), PACKER (1977) e OLIVEIRA (1979) para a raça Canchim. Para o peso a um ano, FREITAS (1975) para a raça Guzerá e MONTEIRO (1977) para a raça Nelore.

3.2.5 Valores iniciais dos componentes de variâncias

As estimativas iniciais das variâncias usadas nos métodos univariados foram obtidas através do MIVQUE(o) descrito em HENDERSON (1984). Admitindo-se, por hipótese, que a verdadeira razão de cada componente de variância entre touros em relação ao componente residual é nula, isto é, $g_{ii}/r_{ii} = 0$; as estimativas obtidas por MIVQUE(o) têm convergência local, porém são as melhores quadráticas não viciadas obtidas.

As estimativa de variâncias obtidas pelo método 3, foram usadas como valores iniciais para os casos multivariados, sendo os valores iniciais dos componentes de covariâncias entre Y_1 e Y_2 obtidos da relação $\text{cov}(Y_1, Y_2) = [\text{var}(Y_1 + Y_2) - \text{Var}(Y_1) - \text{var}(Y_2)]/2$.

As matrizes dos componentes de variâncias entre touros e residuais G_o e R_o foram:

$$G_o = \begin{bmatrix} 118,174000 & 100,400000 \\ 100,400000 & 95,335300 \end{bmatrix}; R_o = \begin{bmatrix} 594,800000 & 493,770000 \\ 494,770000 & 886,356200 \end{bmatrix}$$

3.2.6 O algoritmo EM

DEMPSTER et alii (1977) apresentaram um procedimento geral de técnicas iterativas para o cálculo de estimativas de máxima verossimilhança, quando o vetor de observações Y pode ser considerado como dados incompletos. Cada iteração deste algoritmo consiste de uma etapa inicial que envolve esperança matemática (Expectation), seguida de uma etapa de maximização (Maximization), daí o nome EM.

Os autores verificaram que na classe dos modelos lineares mistos, as estimativas de componentes de variâncias obtidas por ML e REML, podem ser calculadas através do algoritmo EM, considerando-se os efeitos aleatórios como dados perdidos.

Para a sua implementação o EM transforma uma função de verossimilhança complicada em uma seqüência de problemas simples denominados de pseudo-completos, isto por que a cada iteração, estimadores atualizados são obtidos. Este algoritmo usa uma estimativa inicial $\theta^{(0)}$, que tem no passo seguinte a solução maximizante denominada de $\theta^{(1)}$; e o processo continua até que na iteração $(k+1)$, tem-se o módulo $|\theta^{(k+1)} - \theta^{(k)}|$ significativamente pequeno, de tal forma que a convergência é assumida. A teoria geral apresentada por DEMPSTER e colaboradores mostra que a cada passo do algoritmo, incrementa a verossimilhança de modo que um máximo local é atingido no limite.

Além de sua simplicidade de uso em relação a outros algoritmos, tais como, o Newton-Raphson, Método de quasi-newton ou Método de Newton modificado, o algoritmo EM é muito estável numericamente, ou seja, sempre converge, mesmo que valores iniciais adequados não tenham sido usados. Os estimadores obtidos pelo EM são idênticos aos de PATTERSON & THOMPSON (1971); CORBEIL & SEARLE (1976) e HARVILLE (1977).

Como exemplo de aplicação do algoritmo EM considerando o método REML, seja a função $\hat{\phi}' = (\hat{\sigma}_s^2, \hat{\sigma}_e^2)$ estimativas de $\phi' = (\sigma_s^2, \sigma_e^2)$, e as formas quadráticas $t' = (u'A^{-1}u, e'e)$. O REML leva em conta a perda de graus de liberdade na estimativa de efeitos fixos(s) através da maximização do contraste de erro $K'Y$, onde K tem dimensão $N \times (N - s)$. Assim, uma forma de usar o EM, de modo que na v -ésima iteração $\hat{\phi}'_v = (\hat{\sigma}_s^2, \hat{\sigma}_e^2)$ seja a melhor estimativa de ϕ' consiste no seguinte:

Passo E: obter $t_v = E [t/K'Y, \theta_v]$;

Passo M: obter ϕ_{v+1} como solução de $E [t/\phi] = t_k$

3.2.7 Critérios de comparação entre os métodos

a) Critérios estatísticos

- Número de iterações requerido para a convergência;
- espaço de definição dos parâmetros;
- erros padrão dos estimadores;
- razão variância residual/variância genética entre os métodos.

b) Critérios biológicos

- estimativas de correlações genética, fenotípica, ambiental e residual entre o peso à desmama e peso aos doze meses;
- variação percentual dos estimadores de variâncias e de covariâncias de cada característica em relação às suas médias;
- estimativas de coeficientes de herdabilidade;

3.2.8 Estimativas de outros parâmetros genéticos e fenotípicos

a) Herdabilidades

As estimativas para a herdabilidade no sentido restrito (h_i^2) para a característica i ($i = 1$ para peso à desmama e $i=2$ para peso aos 365 dias), foram estimadas através da fórmula de BECKER (1975).

$$\hat{h}_i^2 = \frac{4\hat{g}_{ii}}{\hat{g}_{ii} + \hat{r}_{ii}}$$

sendo:

$\hat{g}_{ii}$ = estimativa do componente de variância entre touros para característica i , considerando a correlação entre meio-irmãos paternos, $\hat{g}_{ii} = (1/4) \hat{\sigma}_A^2$, onde $\hat{\sigma}_A^2$ é a estimativa de variância genética aditiva. Por hipótese os acasalamentos são ao acaso e os efeitos de interações gênicas alélicas desprezíveis);

$\hat{r}_{ii}$ = estimativa do componente de variância do erro associada à característica i ;

$\hat{h}_{12}^2$ = estimativa da co-herdabilidade envolvendo as duas características simultaneamente;

$$\hat{h}_{12}^2 = \frac{4\hat{g}_{12}}{\hat{g}_{12} + \hat{r}_{12}}$$

$\hat{g}_{12}$ = estimativa de covariância genética entre Y_1 e Y_2 ;

$\hat{r}_{12}$ = estimativa de covariância residual entre Y_1 e Y_2

Os erros padrão aproximados para as estimativas de herdabilidade foram calculados conforme fórmula de SWIGER et alii (1964), descrita em BECKER (1975).

b) Correlações

As estimativas dos coeficientes de correlação genética ($\hat{r}_g$), fenotípica ($\hat{r}_f$), residual ($\hat{r}_e$) e ambiental ($\hat{r}_E$) entre o peso à desmama ($i = 1$) e peso aos doze meses ($i = 2$) foram obtidos (BECKER, 1975) através das fórmulas abaixo:

$$\hat{r}_g = \frac{\hat{g}_{12}}{(\hat{g}_{11} \cdot \hat{g}_{22})^{1/2}}$$

$$\hat{r}_f = \frac{\hat{g}_{12} + \hat{r}_{12}}{[(\hat{g}_{11} + \hat{r}_{11})(\hat{g}_{22} + \hat{r}_{22})]^{1/2}}$$

$$\hat{r}_e = \frac{\hat{r}_{12}}{(\hat{r}_{11} \cdot \hat{r}_{22})^{1/2}}$$

$$\hat{r}_E = \frac{\hat{r}_{12} - 3\hat{g}_{12}}{[(\hat{r}_{11} - 3\hat{g}_{11})(\hat{r}_{22} - 3\hat{g}_{22})]^{1/2}}$$

c) coeficientes de variação genético-aditiva

As estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva (CV_A), variância fenotípica (CV_F) e da variância ambiental na forma de percentagens em relação à média para a característica ($\bar{Y}_i$) foram obtidas por:

$$\hat{CV}_{Ai} = \frac{\sqrt{\hat{4g}_{ii}}}{\bar{Y}_i} \times 100;$$

$$\hat{CV}_{Fi} = \frac{\sqrt{\hat{g}_{ii} + \hat{r}_{ii}}}{\bar{Y}_i} \times 100$$

$$\hat{CV}_{Ei} = \frac{\sqrt{\hat{r}_{ii} - 3\hat{g}_{ii}}}{\bar{Y}_i} \times 100$$

$$\hat{CV}_{e_i} = \frac{\sqrt{\hat{r}_{ii}}}{\bar{Y}_i} \times 100$$

d) Coeficientes de covariação genético-aditiva

As estimativas dos coeficientes de covariação genético aditiva (CC_A), fenotípica (CC_F), residual (CC_e) e ambiental (CC_E) na forma de percentagens em relação à média são obtidas por:

$$\hat{CCV}_A = \frac{\sqrt{4\hat{g}_{12}}}{\bar{Y}_1 \cdot \bar{Y}_2} \times 100$$

$$\hat{CCV}_F = \frac{\sqrt{\hat{g}_{12} + \hat{r}_{12}}}{\bar{Y}_1 \cdot \bar{Y}_2} \times 100$$

$$\hat{CC}_e = \frac{\sqrt{\hat{r}_{12}}}{\bar{Y}_1 \bar{Y}_2} \times 100$$

$$\hat{CC}_E = \frac{\sqrt{\hat{r}_{12} - 3\hat{g}_{12}}}{\bar{Y}_1 \bar{Y}_2} \times 100$$

4. RESULTADOS e DISCUSSÃO

4.1 Estatística descritiva

As médias aritméticas de Y_1 e Y_2 considerando-se as combinações dos efeitos fixos estão representadas nas figuras 2 e 3. Embora se trate de valores observados, não ajustados para os demais efeitos fixos, os respectivos erros padrão situaram-se em torno de 2,5%, possibilitando inferir sobre os efeitos com relativa precisão através da análise gráfica. O dimorfismo sexual, a favor dos animais machos, para Y_1 e Y_2 é verificado em todos os anos de nascimento (Fig. 2 a,b), nas várias idades da vaca ao parto (Fig. 2 c,d) e dentro de cada época e ano de nascimento (Fig. 3). Os efeitos de épocas e anos de nascimento para ambas as características (Fig. 2 a,b; Fig. 2; Fig. 3) são mais pronunciados do que as idades da vaca ao parto (Fig. 2 c,d).

4.2 Análise de variância dos efeitos fixos

Os quadrados médios referentes à análise de variância dos efeitos fixos incluídos no modelo (59), ajustados para os efeitos de touros, são apresentados na tabela 9, separadamente para peso à desmama e peso aos doze meses.

Tabela 9 - Análise de variância dos efeitos fixos ajustados para u + touros, de acordo com o método 3 de HENDERSON (1953) (Y_1 = peso à desmama; Y_2 = peso aos doze meses).

Causa de variação	G.L.	S.Q.	Q.M.R.		F	
			Y_1	Y_2	Y_1	Y_2
Dentro	1073	$Y'Y - R(u,T)$				
Redução total	22	$R(u,T,F) - R(u,T)$	7.744,67	11.837,01	13,02	13,36
Sexo: S	1	$B'_{15}Z_{15}B_{15} - \frac{1}{2}$	21.783,75	4.449,51	36,62	5,02
Ano: A	6	$B'_{16}Z_{16}B_{16} - \frac{1}{2}$	12.293,04	12.875,43	20,67	14,53
Época: E	1	$B'_{17}Z_{17}B_{17} - \frac{1}{2}$	2.486,18	78.768,53	4,18	88,87
Idade da vaca (anos): I	8	$B'_{18}Z_{18}B_{18} - \frac{1}{2}$	2.038,93	1.610,34	3,43	1,82
A x E	6	$B'_{19}Z_{19}B_{19} - \frac{1}{2}$	3.645,76	3.303,84	6,13	3,73
Resíduo	1.051	$Y'Y - R(u,T,F)$	594,80	886,35		

* $P < 0,05$

** $P < 0,01$

ns $P > 0,05$

Como pode ser observado, não houve significância apenas para o efeito de idade da vaca ao parto para Y_2 . Os efeitos mais importantes para o Y_1 foram o sexo e o ano de nascimento do bezerro, e para Y_2 a época e ano de nascimento.

Como a interação ano x época de nascimento foi significativa, a análise de variância da Tabela 10 deveria ser alterada no sentido de estudar o efeito de épocas dentro de anos. Este procedimento, entretanto, não foi adotado por não ser considerado relevante para o presente estudo.

As constantes aditivas para as ambas as características associadas aos efeitos fixos incluídos na análise de variância estão na tabela 10.

Tabela 10 - Número de observações (N), constantes aditivas (k_i) e médias $\pm$ erros padrão do peso obtidos da análise de variância segundo o método 3 de HENDERSON (1953) (Y_1 = peso à desmama; Y_2 = peso aos doze meses)

Efeito		N	K1	K2	Y_1	Y_2
Sexo	Fêmeas	526	-4,54	-2,05	184,98 $\pm$ 2,23	200,52 $\pm$ 2,26
	machos	599	4,54	2,05	194,05 $\pm$ 2,25	204,62 $\pm$ 2,23
época de nascimento						
1	(maio a julho)	635	1,88	10,59	193,40 $\pm$ 2,21	213,17 $\pm$ 2,23
2	(agosto a dezembro)	490	-1,88	-10,59	187,63 $\pm$ 2,39	191,98 $\pm$ 2,41
Ano de nascimento						
	1982	187	3,81	-4,51	193,33 $\pm$ 3,98	198,06 $\pm$ 4,58
	1983	205	6,38	-1,54	195,89 $\pm$ 3,81	201,01 $\pm$ 4,43
	1984	163	-14,37	-20,84	175,15 $\pm$ 3,44	181,72 $\pm$ 3,81
	1985	156	-18,25	-15,60	171,26 $\pm$ 4,30	186,97 $\pm$ 4,98
	1986	135	8,24	18,59	197,76 $\pm$ 4,71	221,12 $\pm$ 5,51
	1987	164	23,16	23,03	212,68 $\pm$ 3,53	225,61 $\pm$ 3,92
	1988	115	-8,98	0,95	180,53 $\pm$ 4,96	203,52 $\pm$ 5,83
Idade da vaca ao parto (anos)						
	< 4	141	-3,30	3,26	186,21 $\pm$ 3,46	205,84 $\pm$ 3,89
	4 1-- 5	124	-2,53	2,42	186,98 $\pm$ 3,28	204,99 $\pm$ 3,58
	5 1-- 6	141	2,25	0,97	191,77 $\pm$ 3,11	203,54 $\pm$ 3,51
	6 1-- 7	142	1,07	2,45	190,58 $\pm$ 3,09	205,03 $\pm$ 3,40
	7 1-- 8	106	6,36	5,87	195,88 $\pm$ 3,27	208,44 $\pm$ 3,57
	8 1-- 9	108	5,53	0,14	195,04 $\pm$ 3,16	202,74 $\pm$ 3,62
	9 1-- 10	115	0,29	-2,97	189,80 $\pm$ 3,14	199,61 $\pm$ 3,46
	10 1-- 11	81	-3,01	-4,48	186,51 $\pm$ 3,40	196,09 $\pm$ 3,90
	> 11	167	-6,66	-5,69	182,85 $\pm$ 2,86	196,88 $\pm$ 3,21
Interação Ano x época						
	1982 x época 1	87	6,79	6,94	202,00 $\pm$ 4,74	215,60 $\pm$ 5,55
	1982 x época 2	100	-6,79	-6,94	184,65 $\pm$ 4,10	180,53 $\pm$ 4,83
	1983 x época 1	71	3,18	-2,36	200,95 $\pm$ 5,33	209,24 $\pm$ 6,36
	1983 x época 2	134	-3,18	2,36	190,83 $\pm$ 3,71	192,78 $\pm$ 4,21
	1984 x época 1	98	-4,72	-2,75	172,31 $\pm$ 4,01	189,56 $\pm$ 4,60
	1984 x época 2	65	4,72	2,75	177,99 $\pm$ 4,24	173,87 $\pm$ 4,51
	1985 x época 1	90	-3,51	-0,49	169,64 $\pm$ 4,71	197,07 $\pm$ 5,51
	1985 x época 2	66	5,51	0,49	172,89 $\pm$ 5,81	176,87 $\pm$ 5,88
	1986 x época 1	91	-6,17	-4,09	193,47 $\pm$ 4,49	227,63 $\pm$ 5,21
	1986 x época 2	44	6,17	4,09	202,05 $\pm$ 6,28	214,62 $\pm$ 7,48
	1987 x época 1	117	7,71	8,24	222,27 $\pm$ 3,56	244,44 $\pm$ 4,03
	1987 x época 2	47	-7,71	-8,24	203,09 $\pm$ 4,80	206,77 $\pm$ 5,61
	1988 x época 1	81	-3,28	-5,49	179,14 $\pm$ 5,29	208,63 $\pm$ 6,25
	1988 x época 2	34	3,28	5,49	181,93 $\pm$ 5,97	198,41 $\pm$ 7,10

Figura 2 - Médias dos pesos à desmama e aos doze meses de animais da raça Canchim, de acordo com o ano de nascimento e idade da vaca ao parto (anos).

Figura 3 — Médias dos pesos à desmama e aos doze meses de animais da raça Canchim, de acordo com o ano de nascimento.

A discussão separadamente para cada efeito será feita como segue.

4.2.1 EFEITO DE SEXO

Conforme pode ser verificado na Tabela 9, o efeito de sexo foi significativo para as duas características estudadas. As diferenças a favor dos machos, com base nas constantes aditivas e nas médias obtidas por quadrados mínimos (Tabela 10), foram de 9,87 kg para o peso à desmama ($194,05 \pm 2,25$ versus $184,18 \pm 2,21$ kg) e 4,10 kg para o peso aos 365 dias ($204,62 \pm 2,23$ versus $200,52 \pm 2,26$ kg).

Como o mesmo tipo de manejo e alimentação foram dispensados aos animais do presente estudo, durante a fase do nascimento à desmama, as possíveis explicações fisiológicas para a ocorrência do dimorfismo já foram descritas no item 3.2.4a. A diferença de peso nas duas características, a favor dos machos, independe da época e do ano de nascimento (Fig. a,b; Fig. 3) e da idade da vaca ao parto (Fig. 1 c,d).

Pesos significativamente superiores de machos da raça Canchim, nascidos em anos diferentes dos considerados no presente trabalho, porém, submetidos a condições semelhantes de manejo, também foram relatados por outros pesquisadores. OLIVEIRA (1977) analisou dados de 371 machos e 378 fêmeas de primeira geração, nascidos no período de

1956 a 1973, cujas médias para os pesos observados à desmama, padronizados para 205 dias, foram $228,10 \pm 1,99$ e $183,52 \pm 1,28$ kg, respectivamente. Pesos à desmama de 1.818 bezerros Canchim, nascidos também de 1956 a 1973, porém incluindo várias gerações, foram analisados por PACKER (1977). As médias do peso à desmama ajustado para 205 dias para machos e fêmeas foram $193,70 \pm 1,30$ e $178,50 \pm 1,30$ kg, respectivamente.

OLIVEIRA (1979) analisou dados de 579 machos e 711 fêmeas da raça Canchim onde os pesos observados aos seis meses foram 175,92 e 160,72 kg, e aos doze meses foram 255,64 e 220,36 kg para machos e fêmeas, respectivamente. Como pode ser verificado, há uma consistente superioridade no peso de machos em relação ao peso de fêmeas e ainda uma variação nas médias do peso em uma mesma idade. As médias dos pesos obtidos aos doze meses, associados ainda a um erro padrão maior, certamente refletem a perda de peso pós-desmama, uma vez que 56,4 % dos animais considerados neste estudo (635) nasceram de maio a julho e desmamaram de janeiro a fevereiro, período de pastagens abundantes, completando um ano de idade nos meses de maio a julho, época de escassez de pastagens.

4.2.2 EFEITO DO ANO DE NASCIMENTO

Como pode ser verificado através dos quadrados médios residuais da análise de variância, o efeito do ano de nascimento foi o de maior importância para as duas características estudadas. Uma análise mais detalhada através das constantes aditivas associadas a este fator, mostra que os anos de 1984 e 1985 apresentaram constantes negativas em ambas as características, enquanto que nos anos de 1986 a 1988 verificou-se o oposto.

O efeito do ano de nascimento em características de crescimento de animais, tem sido exaustivamente investigado e sua significância comprovada na maioria dos trabalhos. Na verdade, este resultado é esperado, uma vez que este fator representa uma somatória de causas difíceis de serem isoladas em uma análise de variância, tais como fatores ambientais temporários, fatores ambientais permanentes, mudanças no patrimônio genético, entre outras. Um outro fator a ser considerado é o erro na amostragem de genótipos, devido à concentração em alguns anos de touros e vacas com maiores potencialidades hereditárias em relação às características consideradas e também a uma distribuição irregular, nos diferentes anos, das vacas nas várias classes de idades. Até mesmo a técnica

de análise dos dados pode ser um efeito adicional, pois com o decorrer dos anos há uma disponibilidade de metodologias mais adequadas, além de melhores recursos computacionais, que contribuem para uma maior eficiência das análises e consequentemente no progresso genético esperado. A técnica da inseminação artificial, por exemplo, quando associada a melhores recursos computacionais, tem possibilitado o desenvolvimento de métodos mais precisos para avaliar o potencial genético de reprodutores.

Através dos valores da tabela 10, verifica-se que a influência do ano de nascimento foi da magnitude de 24,0 % para ambas as características estudadas. Animais nascidos de 1983 a 1985 (Fig. 2ab; Fig. 3 c-f) apresentaram pesos menores à desmama e aos doze meses, sendo que os machos foram os mais prejudicados para esta última característica, uma vez que as médias foram inferiores às das fêmeas. Animais mais pesados à desmama e também aos 365 dias foram obtidos para aqueles nascidos no período de 1986 a 1988, o que permite inferir que estes anos foram os mais favoráveis quanto aos aspectos climáticos, sanitários, de manejo, etc.

TORRES (1961), considerando peso à desmama de zebuínos, atribuiu a escassez de chuva, uma das causas responsáveis pelo efeito significativo do ano de nascimento. Constantes negativas foram observadas por OLIVEIRA (1979), em Canchim, o qual atribuiu o fato como um reflexo da

reduzida precipitação pluviométrica do ano de 1963.

Influências significativas do ano de nascimento sobre as características de crescimento em bovinos tem sido comprovadas por vários pesquisadores (OLIVEIRA, 1977; PACKER, 1977; OLIVEIRA, 1979; ALENCAR et alii, 1981; ALENCAR & BARBOSA, 1982; BARBOSA, 1991) e Nelore (TORRES, 1961; FELÍCIO, 1975; MORTARI, 1976; MONTEIRO, 1977; ELER, 1987).

4.2.3 EFEITO DE ÉPOCA DE NASCIMENTO

Da mesma forma que o efeito de ano, a influência significativa da época de nascimento tem sido verificada em um número grande de pesquisas envolvendo o desenvolvimento ponderal de animais. A divisão do ano em apenas duas épocas elimina o efeito das variações mensais, entretanto, devido ao fato de reduzir o número de classes, aumenta-se o número de observações dentro destas, permitindo detectar este efeito, o que não ocorre muitas vezes quando se inclui o efeito de mês. Através da análise de variância (Tabela 9) verifica-se que este fator foi o mais importante para o peso aos 365 dias. Valores negativos para as constantes foram obtidos para a época 2 (agosto a dezembro) em ambas as características.

A superioridade observada para os pesos de animais nascidos na época 1 (maio-julho) foi

respectivamente de 2,0% para o peso à desmama e 11,10% para o peso aos doze meses. Esta influência altamente significativa para este efeito ($F = 88,87$, $P \leq 0,01$), pode ser melhor interpretada através das figuras 3 a,b, onde se observa uma superioridade da época 1, independente de sexo e de anos de nascimento. Uma explicação razoável é que os animais nascidos na época 1 (maio, junho e julho) iniciam a fase pós-desmama no mês de outubro, período que coincide com o início das chuvas, portanto de disponibilidade crescente de pastagens. Esse período favorável, ou seja de abundância de alimentos se estende até abril, permitindo portanto que os animais atinjam um ano de idade sem experimentar escassez de alimentos. Estes resultados confirmam os de OLIVEIRA (1979) para animais Canchim de mesma procedencia dos utilizados neste trabalho, onde os bezerros nascidos no bimestre maio-junho foram os mais pesados aos 12 meses. Ao contrário, os animais nascidos na época 2 (agosto a dezembro) desmamam a partir de abril, justamente na época que coincide com a escassez de pastagens, a qual permanece até outubro. Neste período, há crescimento estacionário ou mesmo perda de peso em muitos animais, implicando, portanto, em um peso significativamente inferior dos animais nascidos nesta época. Segundo MILAGRES (1987), bezerros desmamados no início da seca completam um ano de idade com praticamente o mesmo peso, caso não seja fornecida

nenhuma ração suplementar. Ele enfatiza ainda que os animais leves aos doze meses, que passaram por um período de seca, podem apresentar desempenhos idênticos aos animais mais pesados.

Resultados opostos, ou seja, a não influência deste efeito, pode ser uma consequência dos distintos manejos, alimentação, entre outros, aplicados a cada rebanho em particular. Admitindo-se também que mes, época e ano de nascimento são aninhados, nessa ordem, muitas vezes quando se estuda o efeito de mes, há uma redução dos níveis dos efeitos e do número de animais e, muitas vezes o efeito, embora presente, não é detectado. Mesmo assim, efeitos de mês ou estação de nascimento têm sido comprovados por vários autores em animais da raça Canchim (OLIVEIRA 1977; PACKER, 1977; OLIVEIRA, 1979; ALENCAR, 1985).

4.2.4 EFEITO DA IDADE DA VACA AO PARTO

O efeito da idade da vaca sobre o crescimento de bezerros até os doze meses tem sido bastante documentado. Acredita-se que modificações morfológicas e fisiológicas associadas com a idade da fêmea e ainda um alto grau de confundimento de outros fatores, tais como, mudança de ambiente, de manejo, entre outros, provocam mudanças na capacidade produtiva das vacas. Através da tabela 10, verifica-se que constantes negativas para este efeito

foram obtidas para o peso à desmama em vacas com até cinco anos em ambas as características, e nas idades superiores a 10 anos. Pode-se, portanto, inferir que valores menores para características de crescimento em bezerros são obtidos nas idades extremas da vaca, ou seja, no início e no final de sua vida reprodutiva. Estes podem estar associados a um desenvolvimento incompleto de seus órgãos reprodutores (TORRES, 1961), devido a uma competição pelos nutrientes disponíveis para o seu próprio desenvolvimento e de seu feto (HAFEZ, citado por OLIVEIRA, 1979) e ainda a uma menor produção de leite. Uma diminuição no peso de bezerros à medida que a idade da vaca aumenta pode ser devida a uma redução na habilidade materna associada com a velhice, destacando-se uma menor produção de leite.

A figura 2 (c,d) mostra que, independentemente do sexo do animal e da característica, bezerros mais pesados são produzidos na faixa de idade de 6 a 9 anos, com a figura exibindo uma forma polinomial quadrática. Segundo MONTEIRO (1977) pesos de animais aos doze e 18 meses foram maiores para os filhos de vacas com aproximadamente 9 a 10 anos de idade. PACKER (1977) analisou dados de 1.818 animais Canchim de mesma procedência e manejo dos utilizados neste trabalho e, através de ajuste polinomial quadrático e cúbico, verificou-se efeito significativo da idade da vaca sobre o crescimento até a desmama.

OLIVEIRA (1979) verificou que o efeito da idade da

vaca no peso de bezerros Canchim aos seis meses, de cada sexo isoladamente e em conjunto, foi melhor interpretado por uma regressão quadrática. Este autor verificou ainda efeito significativo da idade da vaca para o desenvolvimento corporal pós-desmama, o que foi atribuído como o efeito residual da influência materna até o desmame, o qual influenciou o peso dos animais nas idades posteriores.

4.3 Componentes de variâncias - caso univariado

4.3.1 Aspectos teóricos

As estimativas dos coeficientes de variâncias entre touros, residuais e coeficientes de herdabilidade obtidos da ANOVA estão na tabela 11. O critério de convergência para os componentes de variâncias dos métodos da ML e da REML foi assumido quando ocorreu mudança apenas no quarto dígito significativo das estimativas. O método ML convergiu com sete e oito iterações para Y_1 e Y_2 , respectivamente, enquanto que o da REML convergiu com seis iterações para ambas as características, porém, com apenas três iterações as estimativas de parâmetros genéticos tinham precisão de duas casas decimais. A Figura 4 ilustra o comportamento das estimativas em cada iteração.

Estes resultados, apesar de serem informativos, não devem ser interpretados como critérios definitivos para a convergência destes métodos. Pesquisas realizadas por ROTHSCILD et alii (1979) revelaram que soluções de componentes de variâncias para diferentes conjuntos de dados convergem a diferentes velocidades. Fatores como a natureza dos dados, qualidades dos valores iniciais, o método de estimativa e ainda o algoritmo usado, devem ser analisados conjuntamente para se tentar estabelecer critérios de convergência destes métodos.

Tabela 11- Resultados de soluções explícitas e iterativas considerando peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2), sendo g_{ij} = variância genética, r_{ij} = variância residual e h^2_{ij} = herdabilidade ($i = 1, 2$), I = iteração.

I	Y_1		2	Y_2		2
	g_{11}	r_{11}	h_1	g_{22}	r_{22}	h_2
MIVQUE(o)						
0	86,248963	622,742698	0,486600	67,662923	910,617128	0,276660
			$\hat{g}_{12} =$	69,198135		
			$\hat{r}_{12} =$	521,142700		
Método 3 de HENDERSON						
0	118,174078	594,803544	0,662989	95,335392	886,356240	0,388454
			$\hat{g}_{12} =$	100,400876		
			$\hat{r}_{12} =$	493,771892		
Máxima verossimilhança						
0	82,616428	596,514736	0,486600	65,857562	886,320320	0,276660
1	135,035864	584,804591	0,750365	85,189288	879,450499	0,353248
2	132,804674	585,163336	0,739891	89,214186	878,234819	0,368863
3	132,267171	585,251085	0,737359	90,682552	877,806549	0,374532
4	132,137639	585,272309	0,736748	91,089486	877,689244	0,376100
5	132,110638	585,276337	0,736620	91,199098	877,657748	0,376522
6	132,104989	585,277664	0,736594	91,228389	877,649338	0,376635
7	132,103807	585,277858	0,736558	91,236200	877,647097	0,376665
8				91,238281	877,646499	0,376673
			$\hat{g}_{12} =$	122,814000		
			$\hat{r}_{12} =$	485,112000		
Máxima verossimilhança restrita						
0	84,340727	608,964681	0,486600	67,232084	904,818839	0,276660
1	163,680495	593,403532	0,864794	105,496838	892,663999	0,422764
2	148,743085	595,375510	0,799566	106,464201	892,424680	0,426336
3	145,285423	595,874817	0,784097	106,740476	892,356799	0,427347
4	144,537340	595,985178	0,780731	106,846643	892,330768	0,427738
5	144,502242	595,990377	0,780573	106,852769	892,329267	0,427760
6	144,500452	595,990642	0,780565	106,853119	892,329281	0,427762
			$\hat{g}_{12} =$	134,660200		
			$\hat{r}_{12} =$	494,140661

Figura 4 - Estimativas de variâncias genéticas (A) e variâncias residuais (B), obtidas por ML e REML, em que os índices "1" e "2" referem-se aos pesos à desmama e aos doze meses, respectivamente.

----- REML₁; ———= ML₁;= REML₂; - - - = ML₂

Vários exemplos discutidos na literatura servem para elucidar a dificuldade de se estabelecer comparações entre o método da ML e da REML quanto aos critérios de convergência, um dos fatores importantes para a escolha de métodos, uma vez que traduz as dificuldades computacionais existentes.

HEMMERLE & HARTLEY (1973) analisando uma amostra pequena de dados em um experimento fatorial verificaram que as estimativas para os efeitos fixos convergiram em 10

iterações e a dos componentes aleatórios em 13, resultados divergentes dos encontrados no presente trabalho. De acordo com pesquisas realizadas por ROTHSCILD et alii (1979) na análise de dados de produção de leite de primeira e segunda lactação, cerca de 30 iterações através da ML foram necessárias para estimar parâmetros da população livres de vícios devidos à seleção.

Nas estimativas de componentes da variância genética aditiva, não aditiva e residual, além da herdabilidade e repetibilidade de características espermáticas, através do método de REML (TAYLOR & EVERETT 1985), cerca de 11 iterações foram necessárias; resultados semelhantes aos obtidos por HEMMERLE & HARTLEY (1973), porém mais lento do que os obtidos aqui.

Com base na literatura, fica difícil estabelecer comparação quanto aos critérios de convergência, uma vez que há uma diversidade de tamanhos de arquivos, de valores iniciais usados, de tipos de variáveis, entre outros. Dos algoritmos usados um dos mais simples de implementar é sem dúvida o EM, porém um dos mais lentos. Através de uma demonstração teórica com o REML feita por HENDERSON (1986a), convergências foram assumidas com sete iterações através do algoritmo MIVQUE e 19 através do EM. Em uma outra análise, considerando-se um arquivo com 115.474 observações com a variável dias em teste na lactação, SMITH & GRASER (1986) usaram vários conjuntos de valores iniciais de g_{ij} e r_{ij} de

modo a corrigir possíveis deficiências destes valores e, mesmo assim, cerca de 100 iterações foram requeridas para o critério de convergência através do EM. Segundo OUWELTJES et alii (1988) cerca de 70 iterações foram necessárias para a convergência por REML e métodos correlatos que usavam pseudo-esperança (IHSM, SCHAEFFER e THM).

A rapidez de convergência obtida no presente trabalho, no entanto, está de acordo com o esperado teoricamente para características univariadas, uma vez que foi usado o algoritmo de Newton-Raphson, o qual permite localizar um valor maximizante dentro de poucas iterações, quando o valor inicial está na vizinhança do verdadeiro valor, ou seja, a verossimilhança por este método incrementa monotonicamente quando está próxima do máximo (JENNRICH & SAMPSON, 1976; HARVILLE, 1977).

Mesmo que os métodos ML e REML convirjam para estimativas dentro do espaço de parâmetros, um problema existente é saber se a estimativa obtida representa uma solução máxima global ou se é apenas máxima local (HENDERSON, 1976b; GROENEVELD & KOVAC, 1990). Na verdade, apenas para a análise de variância com dados balanceados e ainda para estimativas dentro do espaço de parâmetro, é que o máximo global pode ser garantido. Para o caso de dados desbalanceados, como os utilizados neste trabalho, tem-se uma garantia de uma solução máxima global quando se usam diferentes valores iniciais e estes convergem para a mesma solução.

Com exceção do componente de variância residual obtido por MIVQUE(o) para Y_1 , todos os métodos apresentaram estimativas de covariância e de herdabilidade menores do que as obtidas por REML, para ambas as características (Tabela 11)

A maioria dos estudiosos de componentes de variâncias é unânime em afirmar que sob condições de recursos de computação ilimitados e variáveis com distribuição normal, o método escolhido seria o da REML, devido às suas excelentes justificativas teóricas, conforme apresentadas em Material e Métodos. Como esta condição ideal está muito distante da nossa realidade, o que se busca nestas metodologias que usam soluções iterativas, é que as mesmas proporcionem estimativas tão próximas quanto possível das obtidas por REML e, que sejam de fácil implementação e uso pelos melhoristas, ao contrário do REML que é muito complexo do ponto de vista computacional.

O método da ML apresentou estimativas de componentes de variâncias entre touros e de herdabilidades mais consistentes com os obtidos por REML para Y_1 , enquanto que o método 3 foi o mais consistente para Y_2 . As estimativas dos componentes de variâncias residuais obtidos por ML para ambas as características foram viciadas para menos em cerca de 2,0% em relação às obtidas por REML. Como já era previsto teoricamente, o método da ML produz estimativas de componentes de variâncias residuais viciadas

para menos, pois este método não leva em conta o número de efeitos fixos associados ao modelo. Assim, este método somente deve ser recomendado quando o número de observações for infinitamente grande em relação aos elementos do vetor B, visto que a teoria da distribuição do ML se baseia em resultados assintóticos, ou seja, quando o tamanho amostral tende ao infinito.

CORBEIL & SEARLE (1976) e HARVILLE (1977) elucidaram, com clareza, a comparação dos quadrados médios residuais entre ML e REML e apresentaram propriedades gerais desses estimadores. Em ambas as características, as estimativas obtidas através do método 3 foram inferiores às do REML. A diferença, para menos, foi maior para os componentes de variâncias entre touros.

O método 3, conforme discussão de HENDERSON (1953) e DEMPFLÉ et alii (1983), produz estimativas não viciadas de componentes de variâncias entre touros quando as esperanças são consideradas sob a suposição de que $\text{Var}(u) = I g_{11}$, isto é, que os touros não sejam relacionados. Como nos trabalhos de melhoramento, geralmente há parentesco entre os touros, este método, apesar de ser um dos mais utilizados no Brasil, fica bastante limitado. Outra deficiência deste método é não proporcionar estimativas livres de vícios devido à seleção. Conforme demonstrado por DEMPFLÉ et alii (1983), o método 3 estima componentes de variâncias considerando-se os parâmetros de uma população base, porém, quando é usado em

populações submetidas à seleção, as estimativas obtidas são viciadas para menos.

No presente trabalho todos os animais apresentaram informações em ambas as características e, em decorrência deste fato, a mesma matriz de informação foi utilizada em cada variável. Com isto, uma fração do vício devido à seleção, provocada pelo descarte de animais entre as avaliações subsequentes, foi eliminada. Assim, com base nos resultados da tabela 11, pode-se inferir que os vícios, para menos, das estimativas dos componentes de variância e consequentemente dos coeficientes de herdabilidade obtidos pelo método 3, em relação aos obtidos por ML e REML podem ser explicados principalmente pela não inclusão de efeitos decorrentes do parentesco existente entre os touros, e também por vícios devido à seleção. Os métodos da ML e da REML apesar de não utilizar, no caso univariado, a matriz de parentesco, conforme já discutido, tem as propriedades de estimar parâmetros populacionais livres de seleção.

4.3.2 Estimativas de outros parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade, correlações, coeficientes de variação genético-aditivas obtidos das análises univariadas, estão na tabela 12.

Através das tabelas 11 e 12, observa-se que

valores crescentes das variâncias genéticas e estimativas de herdabilidade foram proporcionados por MIVQUE(o), H3, ML e REML, nessa ordem. Estatisticamente é compreensível estes resultados, uma vez que as estimativas de variâncias residuais, exceção às obtidas por MIVQUE(o), não foram muito divergentes e os coeficientes de herdabilidade são mais influenciados pelos componentes de variâncias entre touros, os quais são multiplicados por 4 no numerador e são adicionados à variância residual no denominador.

Tabela 12- Estimativas de parâmetros genéticos obtidas da análise univariada, em que o índice "1" refere-se ao peso à desmama e o "2" ao peso aos doze meses.

Parâmetro	MIVQUE(o)	H3	ML	REML
Herdabilidades				
$\hat{h}_1^2$	$0,49 \pm 0,11$	$0,66 \pm 0,13$	$0,74 \pm 0,16$	$0,78 \pm 0,18$
$\hat{h}_2^2$	$0,28 \pm 0,10$	$0,39 \pm 0,10$	$0,38 \pm 0,11$	$0,43 \pm 0,14$
Correlações				
genética	0,90	0,95	1,12	1,08
fenotípica	0,71	0,71	0,73	0,73
ambiental	0,62	0,51	0,34	0,29
residual	0,69	0,68	0,69	0,68
Coefficientes de variação, %				
genético-aditiva(1)	9,78	11,14	12,10	12,65
genético-aditiva(2)	8,08	9,59	9,38	10,15
fenotípica(1)	14,02	14,06	14,10	14,32
fenotípica(2)	15,36	15,38	15,28	15,52
ambiental(1)	10,00	8,16	7,24	6,71
ambiental(2)	13,06	12,03	12,07	11,74
residual(1)	13,14	12,84	12,73	12,85
residual(2)	14,82	14,42	14,54	14,67
Coefficientes de covariação, %				
genético-aditiva	8,45	10,19	11,27	11,80
fenotípica	12,35	12,39	12,53	12,75
ambiental	9,00	7,05	5,49	4,83
residual	11,60	11,30	11,20	11,80

Como a mesma amostra de dados foi utilizada para a análise, os diferentes valores obtidos para h^2 são devidos exclusivamente às propriedades dos estimadores associadas a cada método. Em uma raça sintética de bovinos como é a Canchim, certamente durante a sua formação e consolidação, a seleção tem atuado de alguma forma, tendo, portanto, consequência direta na precisão das estimativas obtidas.

Na presença de seleção (DEMPFLE et alii, 1983; HENDERSON, 1984; CARABANO et alii, 1989) sobre as características de desenvolvimento e ainda a não inclusão da matriz de parentesco (CARABANO et alii, 1989; CUE, et alii 1990; WOOD et alii, 1991) há uma tendência de se obter valores menores para os componentes de variâncias entre touros. Como os métodos da ML e da REML controlam e/ou minimizam vícios das estimativas decorrentes da seleção (ROTHSCHILD et alii, 1979; HENDERSON, 1986b; OUWELTJES et alii, 1988; VANRADEN & JUNG, 1988; isto explica, em parte, os valores maiores obtidos para as variâncias genéticas e consequentemente das estimativas de h^2 proporcionadas por estes métodos; sendo o da REML mais indicado visto que este considera os efeitos fixos associados ao modelo para estimar a variância residual, enquanto que o ML não o faz.

Além da influência da seleção, do grau de parentesco existente entre os reprodutores e da metodologia de análise usada para estimar os componentes de variâncias,

outros fatores podem influenciar estas estimativas e consequentemente os valores de h^2 para uma dada característica de uma raça, rebanho ou cruzamento, entre os quais destacam-se, o processo de amostragem e o tamanho dos arquivos, decorrentes do fato de serem tais estimativas obtidas de amostras finitas de dados (CARABANO et alii, 1989; SILVA, 1982), as condições de manejo e de ambientes, as quais podem limitar ou favorecer o potencial genético de reprodutores superiores (OLIVEIRA, 1979; CARABANO et alii, 1989).

Os inúmeros fatores componentes do ambiente estão constantemente interagindo entre si e modificando as fontes de variação ambiental. Como a herdabilidade é dependente da variância residual, quaisquer mudanças deste componente podem provocar alterações drásticas nos valores de h^2 . CUNNINGHAM & HENDERSON (1965) citam várias exigências no cálculo de estimativas de herdabilidade, ou sejam, ação epistática dos genes desprezível, ocorrência de acasalamento ao acaso com respeito aos genes em questão, frequência dos genes estáveis, e os efeitos dos genes, como desvio da média, estáveis de geração para geração. O número de animais dentro de cada subclasse de efeitos fixos é um outro fator que deve ser levado em conta.

Segundo WOOD et alii (1991) à medida que se aumenta o número de animais dentro de cada nível de efeito fixo, aumenta-se proporcionalmente a acuracidade na estimativa de h^2 . Quando se utiliza correlação entre meio-

irmãos paternos, um outro ponto a ser considerado é número de graus de liberdade entre as famílias de progênie. Segundo SILVA (1982), deve-se sempre utilizar um maior número de reprodutores mesmo que às custas de uma redução no número de progênie. De acordo ainda com HARRIS (1964) e VAN VLECK & HENDERSON (1961), citados por SILVA (1982), o tamanho amostral é de grande importância na precisão das estimativas de parâmetros genéticos; segundo eles pelo menos 1.000 indivíduos distribuídos em 50 famílias devem ser utilizados.

No presente trabalho foram utilizados 1.125 animais e 52 reprodutores, portanto, uma amostra dentro dos padrões aceitáveis de confiabilidade. Dentre outras causas que podem interferir nas estimativas de h^2 e praticamente impossíveis de serem isoladas em uma análise de variância, pode-se citar o confundimento de reprodutores e anos, tal acontece quando os filhos de um determinado touro concentram-se em um determinado ano.

Segundo WOOD et alii (1991) a estrutura de parentesco entre as famílias utilizadas na análise pode influenciar a precisão das estimativas de h^2 . Considerando que nas famílias de irmãos completos(IC) e meio-irmãos (MIP), as proporções esperadas de genes comuns por descendência são, respectivamente, 1/2 e 1/4, enquanto que nas famílias não relacionadas é zero, obviamente a acuracidade nas estimativas de valores genéticos é maior

para famílias de IC do que MIP e, estas maior do que para animais não aparentados.

No presente trabalho, tentou-se padronizar os fatores que influenciam as estimativas de componentes de variâncias, de modo a facilitar a comparação entre os diversos métodos de análise. Assim, as estimativas de h^2 obtidas para Y_1 e Y_2 foram comparadas com os resultados da literatura para estas características com o rebanho Canchim e outras raças (Guzerá, Gir, Nelore e Charolesa), sempre que possível para animais submetidos a condições de manejo e de ambientes semelhantes. Estimativas de h^2 obtidas por vários pesquisadores com o rebanho Canchim e raças zebuínas, revelam ser este parâmetro bastante variável para características de crescimento. Para Y_1 , que normalmente é padronizado para a idade de 205 dias, os valores de h^2 apresentaram uma amplitude de variação grande segundo a amostra e o sexo considerado. Os valores extremos de h^2 (Tabela 2) foram $0,73 \pm 0,16$ (SILVA et alii, 1979) e $0,16 \pm 0,08$ (ALENCAR et alii, 1981) para machos da raça Canchim, $0,47 \pm 0,10$ (ALENCAR et alii, 1981) e, $0,039 \pm 0,36$ (ALENCAR & BARBOSA, 1982) para fêmeas e $0,34 \pm 0,09$ (OLIVEIRA, 1979) para machos e fêmeas em conjunto.

As estimativas de h^2 obtidas no presente trabalho para Y_1 considerando machos e fêmeas em conjunto foram 0,49; 0,66; 0,74 e 0,78 para MIVQUE(o), H3, ML e REML, respectivamente. Destes, os dois primeiros valores estão

dentro do intervalo de acordo com a literatura, porém, quanto aos valores altos proporcionados por ML e REML, não há uma explicação convincente. Algumas causas que podem ter influenciado estas estimativas, em adição às citadas anteriormente, pode-se citar uma melhoria das condições ambientais e do manejo ou mesmo o reflexo de uma mudança na média do valor genético da população para esta característica, como um resultado da utilização de touros e de matrizes superiores, ou, ainda, a um incremento na variância genética aditiva. Outras causas que podem estar relacionadas com os altos valores de h^2 no presente trabalho e/ou com valores subestimados da literatura é que a herdabilidade é dependente da variância genética aditiva, que por sua vez é função de frequências gênicas, as quais estão sujeitas à ação da oscilação aleatória de genes (deriva genética), efeitos de seleção, mutação e migração.

Segundo TEMPELMAN & BURNSIDE (1990b), pouca atenção tem sido dada aos efeitos genéticos de dominância direcional que podem afetar a produção, principalmente em cruzamentos. Neste caso, os métodos de estudo podem ser seriamente afetados por amostragem de genótipos e mudança genética aleatória. Segundo os autores, apenas com o processo de ovulação múltipla e transferência de embrião é possível a utilização potencial de qualquer efeito genético de dominância. Estes componentes juntos podem provocar alterações consideráveis na variância genética e nos valores

de h^2 , como já comprovado em camundongos e em *Tribolium* de acordo com relatos de SILVA (1982).

Outro fator que pode influenciar as estimativas de h^2 quando se considera correlação entre meio-irmãos paternos, como no presente trabalho, é que sob suposição de acasalamento ao acaso e ausência de endogamia, o componente de variâncias entre touros é multiplicado por 4, o que pode superestimar a variância genética aditiva, ou seja, usa-se $g_{ii} = 4\sigma_A^2$, quando na verdade g_{ii} pode ser menor do que $4\sigma_A^2$, pois o componente g_{ii} além de $(1/4)\sigma_A^2$ inclui ainda os termos $(1/16)\sigma_{AA}^2$; $(1/64)\sigma_{AAA}^2$ que podem não ser desprezíveis. Embora não seja devidamente conhecido, em um rebanho fechado como o Canchim, pode-se prever uma certa quantidade de acasalamentos entre parentes, contribuindo para obter valores de h^2 superestimados. Assim, mesmo considerando o modelo adequado e amostragem representativa, não é surpreendente encontrar estimativas de h^2 que estão além dos limites extremos encontrados na literatura, uma vez que são vários os fatores que podem influenciar. Quanto aos valores extremos deste parâmetro proporcionados por ML e REML, em comparação aos métodos de MIVQUE(o) e método 3 de HENDERSON, possíveis causas são atribuídas às qualidades destes métodos em controlar os vícios devidos à seleção, e consequentemente estimar valores maiores para as variâncias genéticas.

ROTHSCHILD et alii (1979), analisando produção de

leite de primeira e de segunda lactação, compararam o método 1 e o método da ML. Na presença de seleção, os estimadores de h^2 obtidos por ML apresentaram valores maiores e erros padrão menores do que os obtidos pelo método 1.

LYONS et alii (1986) compararam o REML e três métodos aproximados, que usam pseudo-esperanças (IHSM, SCHAEFFER e THM) na análise de características de sanidade em um arquivo com 2.206 progênies, 87 reprodutores e 32 rebanhos. Estimativas crescentes de h^2 foram obtidas pelos métodos de SCHAEFFER, IHSM, THM e REML, nessa ordem.

Para o peso aos doze meses, as estimativas de h^2 obtidas da literatura variaram de $0,38 \pm 0,13$ (SILVA et alii, 1979) a $0,70 \pm 0,17$ (OLIVEIRA, 1979) para machos; a $0,36 \pm 0,01$ (OLIVEIRA, 1979) para fêmeas e $0,31 \pm 0,08$ (SILVA et alii, 1979) a $0,46 \pm 0,11$ (OLIVEIRA, 1979) para machos e fêmeas em conjunto. Os valores de h^2 obtidos no presente trabalho, ou sejam, $0,28 \pm 0,10$; $0,39 \pm 0,10$; $0,38 \pm 0,11$ e $0,43 \pm 0,14$ para MIVQUE(o), H3, ML e REML, respectivamente, estão situados dentro do intervalo consultado na literatura.

Os valores obtidos para a correlação genética foram em torno de 1,0 em todos os métodos, indicando que o mesmo conjunto de genes e de fatores fisiológicos influenciam Y_1 e Y_2 . Esses valores são ligeiramente maiores aos obtidos por ROSA et alii (1978) com animais Nelore e SILVA et alii (1979) e OLIVEIRA (1979) para animais Canchim

criados em condições de manejo e de ambientes semelhantes às do presente estudo. Para fêmeas Canchim, BARBOSA (1991) encontrou o valor de $0,67 \pm 0,23$ para a estimativa de correlação genética entre pesos à desmama e aos doze meses de idade.

Estas correlações são funções de variâncias e de covariâncias genéticas, as quais tendem a ser subestimadas (CARABANO et alii, 1989; CUE et alii, 1990; WOOD et alii, 1991) em rebanhos onde a seleção tenha atuado sobre os reprodutores para as características em estudo. Em rebanhos fechados como os do Canchim e das raças zebuínas, certamente a seleção tem operado nas mais diferentes intensidades sobre os reprodutores para as características de crescimento. Assim, é possível admitir que os valores de r_g proporcionados pelos métodos MIVQUE(o), método 3 e os consultados na literatura tenham sido subestimados quando comparados aos valores obtidos por ML e REML que comprovadamente (ROTHSCHILD et alii, 1979; DEMPFLÉ et alii, 1983; HENDERSON, 1984; VANRADEN & JUNG, 1988; CARABANO et alii, 1989) controlam vícios devidos à seleção. Com exceção ao MIVQUE(o), as estimativas r_{jj} foram bastante semelhantes; consequentemente, os valores de r_E variaram de acordo com os valores de g_{jj} , ou seja, para o método 3 que tende a subestimar os componentes de variâncias genética, o valor de r_E (0,51) foi superior aos obtidos por ML e REML (0,34 e 0,29). Visto de outra forma, a correlação ambiental envolve

a variação de origem não genética (manejo e fatores climáticos), o que significa que as flutuações nos valores de rE , para uma mesma amostra, estão associadas à precisão dos métodos quanto à estimativas dos componentes de variâncias entre touros. Raciocínio semelhante envolvendo os valores de g_{jj} e r_{jj} , explica a uniformidade observada para as correlações fenotípicas e residuais.

As estimativas de coeficientes de variação (CVA) e de covariação (CCA), genética-aditiva, expressos em percentagens em relação às médias estão na Tabela 12. Estes coeficientes são úteis para determinar o comportamento da variação genética e ambiental, principalmente quando são analisadas várias características simultaneamente. Os valores de CVA e CCA, em ordem crescente para Y_1 , foram proporcionados por MIVQUE(o), método 3, ML e REML, enquanto que para Y_2 foi MIVQUE(o), método 3, ML e REML.

4.4 Componentes de variâncias - caso multivariado

4.4.1 Aspectos teóricos

As estimativas dos componentes de variâncias, de herdabilidades e de correlações genéticas obtidas através do IHSM, ML e REML estão na Tabela 13. No método IHSM, a convergência com precisão de seis casas decimais ocorreu com sete iterações para os parâmetros genéticos e 13 para as

estimativas de variâncias e de covariâncias; entretanto, na terceira iteração todas as estimativas tinham precisão de um dígito. A Figura 5 ilustra o processo iterativo até a convergência, em que se observa uma estabilização das variâncias genéticas a partir da quarta iteração no IHSM, e a partir da décima nos métodos da ML e REML, não existindo, praticamente, alterações nas variâncias residuais a partir da quarta iteração. HUDSON & VAN VLECK (1982) usando este método na estimativa de variâncias e de parâmetros genéticos da produção de leite e de gordura obtiveram convergência com quatro iterações, o que comprova a simplicidade do método.

Tabela 13 - Resultados do processo iterativo considerando o modelo multivariado com peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2), onde g_{ij} = variância genética, r_{ij} = variância residual, h^2_{ij} = herdabilidade e r_g = correlação genética ($i = 1, 2$), onde I = iteração.

I	g_{11}	g_{12}	g_{22}	r_{11}	r_{12}	r_{22}	h^2_{11}	h^2_{12}	r_g
MÉTODO = IRMS									
0	118,17400	100,40000	95,33530	594,80000	493,77000	886,35620	0,66299	0,38845	0,94390
1	146,82836	120,55224	119,74254	585,28826	487,16758	875,60308	0,80221	0,48121	0,90917
2	148,19245	121,78439	118,12855	584,25972	486,23853	876,82005	0,80929	0,47491	0,92045
3	148,26124	121,73678	118,58244	584,20785	486,27442	876,47781	0,80965	0,47668	0,91811
4	148,25821	121,75157	118,48244	584,21014	486,26328	876,55322	0,80963	0,47629	0,91862
5	148,25908	121,74811	118,50367	584,20949	486,26588	876,53720	0,80964	0,47637	0,91851
6	148,25887	121,74882	118,49899	584,20964	486,26535	876,54073	0,80964	0,47635	0,91853
7	148,25892	121,74866	118,50000	584,20961	486,26547	876,53997	0,80964	0,47636	0,91853
8	148,25891	121,74870	118,49978	584,20962	486,26544	876,54014	0,80964	0,47636	0,91853
9	148,25891	121,74869	118,49983	584,20961	486,26545	876,54010	0,80964	0,47636	0,91853
10	148,25891	121,74869	118,49982	584,20961	486,26545	876,54011	0,80964	0,47636	0,91853
11	148,25891	121,74869	118,49982	584,20961	486,26545	876,54011	0,80964	0,47636	0,91853
12	148,25891	121,74869	118,49982	584,20961	486,26545	876,54011	0,80964	0,47636	0,91853
13	148,25891	121,74869	118,49982	584,20961	486,26545	876,54011	0,80964	0,47636	0,91853

MÉTODO = ML

0	118,17400	100,40000	95,33530	594,80000	493,77000	886,35620	0,66299	0,38845	0,94590
1	125,03867	106,51590	99,24555	560,14381	466,14971	855,62994	0,72995	0,41574	0,95617
2	132,19423	113,08708	104,13062	558,50049	464,38947	855,70799	0,76557	0,43395	0,96386
3	136,78513	118,11407	107,88081	558,07360	463,58379	862,58373	0,78741	0,44465	0,97232
4	140,21281	118,85741	98,73253	557,30559	463,94923	879,41122	0,80418	0,40379	1,01018
5	141,62519	120,40840	100,85982	556,00754	462,51672	860,41081	0,81168	0,41969	1,00745
6	142,58336	121,47849	102,34216	556,43218	462,49741	859,10575	0,81591	0,42578	1,00562
7	143,58079	122,66306	104,07661	555,24045	461,39530	856,65546	0,82184	0,43332	1,00343
8	138,46621	118,56394	101,15022	576,41990	479,47032	871,17011	0,77460	0,41611	1,00183
9	134,08779	114,87448	98,11116	577,64235	480,57054	871,98334	0,75358	0,40454	1,00154
10	131,57997	112,77534	96,40965	577,98888	480,89298	872,15095	0,74174	0,39815	1,00128
15	128,37066	110,16722	94,45030	578,41395	481,28001	872,15684	0,72650	0,39085	1,00050
20	128,15742	110,03958	94,44637	578,44450	481,30300	872,05024	0,72548	0,39088	1,00019
25	128,14943	110,05424	94,49988	578,44555	481,30184	872,00045	0,72544	0,39110	1,00007
30	128,15185	110,06469	94,52477	578,44521	481,30068	871,98055	0,72545	0,39120	1,00002
35	128,15320	110,06911	94,53476	578,44502	481,30017	871,97277	0,72546	0,39123	1,00001
40	128,15378	110,07107	94,53910	578,44498	481,29998	871,96940	0,72546	0,39125	1,00000

Tabela 13 - cont.

I	g_{11}	g_{12}	g_{22}	r_{11}	r_{12}	r_{22}	h_1^2	h_2^2	r_g
MÉTODO = REML									
0	118,17400	100,40000	95,33530	594,80000	493,77000	886,35620	0,66299	0,38845	0,94590
1	125,03867	106,51590	99,24555	595,31498	501,87413	883,31997	0,69431	0,40402	0,95617
2	129,56357	110,09234	102,25843	609,57906	501,05632	918,53159	0,70115	0,40070	0,96340
3	131,17222	113,17366	101,51568	623,45294	518,62078	933,79587	0,69529	0,39221	0,98074
4	131,60905	112,95399	100,02828	628,13704	514,27747	910,60558	0,69291	0,39590	0,98445
5	131,73384	112,67326	98,90458	627,70253	514,12105	910,66199	0,69385	0,39186	0,98710
6	131,77954	112,41957	98,01619	627,65451	514,21089	911,05387	0,69409	0,38854	0,98916
7	131,76728	112,17817	97,27447	627,65403	514,31972	911,44026	0,69404	0,38573	0,99084
8	131,72525	112,95581	96,64688	627,66388	514,42284	911,79147	0,69384	0,38335	1,00110
9	131,67061	111,75638	96,11377	627,67693	514,51714	912,10681	0,69359	0,38132	0,99342
10	131,61279	111,58071	95,66050	627,69089	514,60232	912,38858	0,69333	0,37958	0,99442
15	131,39991	111,02037	94,25101	627,71412	514,86213	912,55015	0,69238	0,37445	0,99761
20	131,27992	110,76215	93,63660	627,76688	515,04631	913,85299	0,69181	0,37176	0,99900
25	131,22200	110,65750	93,40614	627,79212	515,11133	914,04700	0,69153	0,37086	0,99951
30	131,18968	110,58845	93,28089	627,79868	515,13774	914,12876	0,69139	0,37037	0,99968
35	131,18047	110,56025	93,21597	627,79965	515,15074	914,16037	0,69135	0,37013	0,99981
40	131,17683	110,55038	93,19012	627,80146	515,15411	914,18520	0,69133	0,37003	0,99987

Nos métodos da ML e REML cerca de 40 iterações foram necessárias em ambos os métodos para se obter uma precisão de 10^{-5} nas estimativas; entretanto, apenas 13 iterações foram suficientes para se obter o valor inteiro nos componentes de variâncias e dois dígitos de precisão nos parâmetros genéticos. Como já foi observado também nas análises univariadas por ML e REML, há uma maior rapidez de convergência dos parâmetros genéticos em relação às estimativas de variâncias, sendo esta característica importante para monitorar o processo de convergência e/ou divergência. Como pode ser observado nas Figuras 4 e 5, há uma convergência mais rápida das estimativas de variâncias residuais em relação às variâncias genéticas, o que concorda com os resultados obtidos por DONG & MAO (1990).

— = $\hat{g}_{11}$, $\hat{r}_{11}$; ---- = $\hat{g}_{12}$, $\hat{r}_{12}$; = $\hat{g}_{22}$, $\hat{r}_{22}$

Figura 5 - Estimativas de variâncias obtidas por IHSM, ML e REML, em que g_{ij} = variância genética e r_{ij} = variância residual, onde $i=1,2$ referem-se aos pesos à desmama e aos doze meses, respectivamente.

Alguns pesquisadores (TAYLOR & EVERETT, 1985; GRASER et alii, 1987) usaram como critérios de convergência no método da REML através do algoritmo EM dois ou três dígitos significativos na estimativa dos parâmetros genéticos.

A velocidade de convergência dos parâmetros genético através do EM tem sido observada por outros pesquisadores. Segundo TAYLOR & EVERETT (1985), cerca de 11 iterações foram suficientes para se obter estimativas de parâmetros genéticos de características espermáticas de sêmen de bovinos com precisão de 0,01; resultados concordantes com os obtidos no presente trabalho para ML e REML. Como pode ser observado na Tabela 13 nos métodos da ML e REML, o processo de convergência com o EM segue uma progressão geométrica, ou seja, as trocas nos elementos de G e R ficam cada vez maiores, indicando que a verossimilhança incrementa a cada iteração até atingir o limite do erro estabelecido; porém envolvendo um número grande de iterações. Segundo JENSEN & MAO (1988) o número de iterações para a estimativa de parâmetros genéticos por REML através do EM variou de 100 a 4.800.

Conforme mencionado no caso univariado, os resultados de convergência obtidos nesta seção para a análise multivariada não são conclusivos. O número de iterações necessário varia para os diferentes modelos, algoritmos usados, natureza dos dados, entre outros

(ROTHSCHILD et alii, 1979; SMITH & GRASER, 1986).

As estimativas obtidas nos três métodos multivariados são resultados de convergência considerando três conjuntos de valores iniciais, o que permite inferir que se trata de máximo local ou mesmo global. O uso de diferentes valores iniciais tem sido preocupação de vários pesquisadores, embora sob critérios diferentes: usar valores abaixo e acima dos obtidos na primeira convergência (TAYLOR & EVERETT, 1985), usar diferentes valores iniciais (HENDERSON, 1985c; SOUTHWOOD et alii, 1989; GROENEVELD & KOVAC, 1990), e usar diferentes valores iniciais, de modo que estes sejam no máximo 15 % dos valores verdadeiros (THOMPSON & SHAW, 1990).

4.4.2 Estimativas de outros parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas de h^2 , correlações, coeficientes de variação e de covariação genético-aditivos associados aos três métodos multivariados estão na Tabela 14. Os valores de h^2 obtidos dos métodos IHSM, ML e REML, respectivamente 0,80; 0,72 e 0,69 (Y_1) e 0,48; 0,39 e 0,37 (Y_2) situam-se nos extremos da literatura para o rebanho Canchim, sendo as possíveis razões aquelas de ordem biológica já apresentadas na análise univariada. As estimativas de h^2 através de IHSM foram 11,0 e 17,0 % maiores, respectivamente, do que as

proporcionadas por ML e REML para Y_1 e, 21,0 e 28,0 % em relação a Y_2 . Através da Tabela 14, verifica-se que os valores altos de h^2 obtidos de IHSM são decorrentes de uma superestimativa dos componentes de variâncias entre touros. De acordo com a literatura, o uso do IHSM em análises univariadas e multivariadas não incluiu o uso da matriz de parentesco entre touros, o que dificulta uma comparação com os resultados obtidos deste método no presente trabalho. Todavia, as informações encontradas, revelam, além de sua facilidade computacional, alguns resultados biológicos desejáveis. DEMPFLÉ et alii (1983), utilizando-se de dados de produção de leite, percentagem de proteína e de gordura, verificaram que a eficiência do IHSM foi alta quando os valores de h^2 eram próximos dos valores verdadeiros, sendo nos demais casos, inferior ao método 3.

Tabela 14- Estimativas de parâmetros genéticos considerando a análise multivariada, em que o índice "1" refere-se ao peso à desmama e o "2" ao peso aos doze meses.

Parâmetro	IHSM	ML	REML
Herdabilidades			
$\hat{h}_1^2$	0,80 ± 0,15	0,72 ± 0,15	0,69 ± 0,14
$\hat{h}_2^2$	0,48 ± 0,12	0,39 ± 0,11	0,37 ± 0,10
$\hat{h}_{12}^2$	0,62 ± 0,16	0,53 ± 0,15	0,51 ± 0,15
Correlações			
genética	0,92	1,00	1,00
fenotípica	0,71	0,71	0,87
ambiental	0,45	0,45	0,61
residual	0,68	0,68	0,68
Coeficientes de variação, %			
genético-aditiva(1)	12,82	11,92	12,06
genético-aditiva(2)	10,69	9,55	9,48
fenotípica(1)	14,25	13,99	14,50
fenotípica(2)	15,49	15,26	15,58
ambiental(1)	6,22	7,33	8,06
ambiental(2)	11,21	11,91	12,37
residual(1)	12,72	12,66	13,19
residual(2)	14,54	14,50	14,84
Coeficientes de covariação, %			
genético-aditiva	11,22	10,68	10,69
fenotípica	12,54	12,36	12,72
ambiental	5,59	6,25	6,89
residual	11,21	11,15	11,54

No estudo de um modelo multivariado envolvendo peso à desmama e ganho pós-desmama em bovinos, BERTRAND & BENYSHEK (1987) compararam entre si o IHSM, PE e REML com os dados submetidos a três intensidades de seleção: 0,0; 33,0 e 66,0 %. Na ausência de seleção, os métodos foram igualmente eficientes na estimativa de variância entre touros e de parâmetros genéticos. Na presença de seleção (33,0 e/ou 66,0 %), os componentes de variâncias e de covariâncias residuais foram subestimados, especialmente ao nível de 66,0 %, sendo o método IHSM superior ao PE, porém, ambos foram inferiores ao REML.

Utilizando-se características de sanidade em bovinos, VANRADEN & JUNG (1988) também verificaram que as estimativas obtidas por IHSM eram mais concordantes às obtidas por REML do que aquelas proporcionadas por PE; porém, tanto o IHSM quanto o método PE produziram estimativas viciadas para menos (30,0 a 45,0%) em dados simulados, na presença de seleção. Mais recentemente, KRIESE et alii (1991) analisaram através do IHSM, o peso à desmama e o ganho de peso pós-desmama de quatro raças bovinas, em um modelo multivariado, cujo efeito aleatório incluiu touros e avós materno. As estimativas dos parâmetros genéticos foram similares às da literatura para as mesmas raças bovinas, o que vem comprovar a eficiência do IHSM. Com base nos resultados obtidos neste trabalho com o uso do IHSM, verifica-se que mais pesquisas são necessárias para a aplicação deste método quando se

utiliza modelo multivariado e ainda a inclusão da matriz
numerador de parentesco entre os animais.

5. CONCLUSÕES

1. As estimativas de correlações genética e de herdabilidade convergiram primeiro do que as estimativas de variâncias e covariâncias, sendo esta propriedade importante para conferir a velocidade de convergência; divergência;
2. A razão variância ambiental/variância genética de Y_2 foi duas vezes maior que a obtida em Y_1 , indicando que variações não controláveis devidas ao ambiente, tais como, pesos estacionários ou perdas de peso pós-desmama, entre outras, afetaram mais intensamente Y_2 , mascarando a diferença genética entre os animais;
3. O método IHSM, comparado com os métodos ML e REML, superestimou as estimativas de covariâncias genéticas e de herdabilidades. Embora seja iterativo, o mesmo exigiu poucos recursos de computação, apresentando-se, ainda, ?

como adequado para o estudo de caracteres múltiplos e para a inclusão do parentesco entre touros. Esta constatação justifica estudos adicionais, antes de recomendá-lo em situações práticas.

4. Na análise univariada e, mais acentuadamente, na análise multivariada, os estimadores obtidos do método da ML e da REML foram superiores aos obtidos de MIVQUE(o) e H3 na análise univariada. Estes resultados mostraram que deficiências do MIVQUE(o) e H3, tais como, o não controle de vícios devidos à seleção, impossibilidade de utilização de caracteres múltiplos e do parentesco entre touros, limitam o uso destes métodos no melhoramento animal;
5. Na análise multivariada e, mais ainda, com a adição do parentesco entre touros, os métodos da ML e da REML foram equivalentes quanto às estimativas de parâmetros genéticos, eliminando-se, inclusive, as distorções existentes entre os mesmos na análise univariada. Isto mostra que, na análise multivariada variâncias e covariâncias apropriadas são estimadas e, consequentemente, os outros parâmetros genéticos;
6. Os métodos da ML e da REML foram extremamente exigentes em recursos de computação, entretanto, tais exigências são minimizadas pelo uso adequado de técnicas de modelos lineares de programação existentes e que reduzem muito o tempo de processamento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALENCAR, M.M. Bovino-raça Canchim, origem e desenvolvimen - to. São Carlos, EMBRAPA/DDT, 1986. 102p.
- ALENCAR, M.M. Estudo da Interação touro x época de nascimento em um rebanho Canchim. Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Viçosa, 14(2): 224-34, 1985.
- ALENCAR, M.M. & BARBOSA, P.F. Fatores que influenciam os pesos de bezerros Canchim ao nascimento e à desmama. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 17(10): 1535-40, 1982.
- ALENCAR, M.M.; LIMA, G.C.; ZOCCAL, R. Fatores que influem no peso à desmama de bezerros mestiços Charoles-Nelore. Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Viçosa, 11 (4): 578-85, 1982.
- ALENCAR, M.M. de; SILVA, A.H.G. da.; BARBOSA, P.F. Efeitos da consangüinidade sobre os pesos ao nascimento e à desmama de bezerros da raça Canchim. Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Viçosa, 10(1): 156-72, 1981.
- ANDERSON, R.D. On the history of variance component estimation. In: VAN VLECK, L.D. & SEARLE, S.R., ed. Variance components and animal breeding. Itaca, Cornell University, 1979. cap. 1, p.19-42.
- BARBOSA, P.F. Análise genético-quantitativa de caracterís - ticas de crescimento e fertilidade em fêmeas da raça Canchim. Ribeirão Preto, 1991. 237p. (Doutorado - Faculdade de Medicina/USP)
- BARBOSA, P.F. Genetic and environmental factors affecting growth characters of Charolais cattle in Southeastern Brazil. Texas, 1982. 133p. (M.S.-Texas A&M University).

- BARBOSA, P.F.; SILVA, A.H.G.; PACKER, I.U. Genetic, phenotypic and environmental correlations among body weights at several ages in Ganchim calves. In: CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 10., Guarujá, 1979. Anais. Guarujá, 1979. p.103
- BECKER, W.A. Manual of quantitative genetics. Washington, Students Book Corporation, 1975. 170p.
- BERTRAND, J.K. & BENYSHEK, L.L. Variance and covariance estimates of maternally influenced beef growth traits. Journal of Animal Science, Champaign, 64(3): 728-34, 1987.
- BERTRAND, J.K. & KRIESE, L.A. Two methods for parameter estimation using multiple-trait models and beef cattle field data. Journal of Animal Science, Champaign, 68(8): 2310-8, 1990.
- BLAKE, R.W.; McDANIEL, B.T.; PEARSON, R.E.; McODWELL, R.E.; WILCOX, L.J. Genetic methods of improving dairy cattle for the South: a review and prospects from regional project S-49. Journal of Dairy Science, Champaign, 69(4): 1098-109, 1986.
- BOLDMAN, K.G. & FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(2): 503-12, 1990.
- BUTTRAM, S.T.; WILSON, D.E.; WILHAM, R. L. Genetics of racing performance in the american quarter horse: III. estimation of variance components. Journal of Animal Science, Champaign, 66(11): 2808-16, 1988.
- CARABANO, M.J. & VAN VLECK, L.D. Estimation of genetic parameters for milk and fat yields of dairy cattle in Spain and the United States. Journal of Dairy Science, Champaign, 72(11): 3013-22, 1989.
- CARABANO, M.J.; WADE, K.M.; VAN VLECK, L. D. Genotype by environment interactions for milk and fat production across regions of the United States. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(1): 173-80, 1990.
- CHANG, H.L.; FERNANDO, R.L.; GIANOLA, D. Inverse of an additive relationship matrix due to sires and maternal grandsires. Journal of Dairy Science, Champaign, 72(11): 3023-34, 1989.

- CHESNAI, J.P. & SONG, H. Estimation of the genetic value of beef cattle from records using the animal model. In: WORLD CONGRESS SHEEP AND BEEF CATTLE BREEDING, 3., Paris, 1988. Proceedings. Paris, Institut National de la Recherche Agronomique, 1988. p.219-37.
- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. Genetics, Betesda, 39: 859-82, 1954.
- CONSTANTINOV, K.U. A comparison of different methods of predicting breeding value of bulls tested for own performance. Genetika Selektsga, Hamburg, 20(3): 240-7, 1987.
- CORBEIL, R.R. & SEARLE, S.R. Restricted maximum likelihood (REML) estimation of variance components in the mixed model. Technometrics, Alexandria, 18(1): 31-8, 1976.
- CUE, R.I.; MONARDES, H.G.; HAYES, J.F. Relationships of calving ease with type traits. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(12): 3586-90, 1990.
- CUNNINGHAM, E.P. & HENDERSON, C.R. Estimation of genetic and phenotypic parameters of weaning traits in beef cattle. Journal of Animal Science, Champaign, 24: 182-7, 1965.
- DA, Y.; GROSSMAN, M.; MISZTAL, I. Prediction error variance and restricted maximum likelihood estimation for animal model with relationship grouping. Journal of Dairy Science, Champaign, 72(8): 2125-35, 1989.
- DEMPFLE, L.; HAGGER, C.; CHNEEBERGER, M. On the estimation of genetic parameters via variance components. Genetic Selection, Toulouse, 15(3): 425-44, 1983.
- DEMPSTER, A.P.; LAIRD, N.M.; RUBIN, D.B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. Journal of Royal Statistic Society. serie B, London, 39: 1-38, 1977.
- DICKERSON, G.E. Experimental design for testing inbred lines of swine. Journal of Animal Science, Champaign, 1: 326-41, 1942.
- DONG, M.C. & MAO, I.L. Heterogeneity of (Co)variance and heritability in different levels of intraherd milk production variance and of herd average. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(3): 843-51, 1990.

- DONG, M.G.; VAN VLECK, L.D.; WIGGANS, G.R. Effect of relationship of variance components with an animal model and restricted maximum likelihood. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 71(1): 3047-52, 1988.
- DRAPER, N.R. & SMITH, H. *Applied regression analysis*. 2. ed. New York, John Willey, 1981. 709p.
- ELER, J.P. Avaliação dos efeitos genéticos direto e materno em características ponderais de bovinos da raça Nelore criados no Estado de São Paulo. Ribeirão Preto, 1987. 105p. (Doutorado - Faculdade de Medicina/USP).
- EMBRAPA. NÚCLEO TECNOLÓGICO PARA INFORMÁTICA AGROPECUÁRIA. Campinas, SP. Manual SOC: cm. Campinas, s.d. 59p.
- EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, M.A.; MIL AGRES, J. C.; GOMES, F.R. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos de pesos e ganhos de peso durante o aleitamento. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, 7(2): 234-44, 1978.
- FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*, 2.ed. New York, Ronald Press, 1981. 340p.
- FELÍCIO, P.E. de. Aspectos fenotípicos, genéticos e ambientais dos pesos ao nascer, aos 120 e aos 210 dias, das raças Nelore, Guzerá e Gir, da Estação Experimental de Sertãozinho. Ribeirão Preto, 1975. 96p. (Mestrado - Faculdade de Medicina/USP).
- FIGUEIREDO, G.R.; SILVA, M.A.; MILAGRES, J.C.; LUDWIG, A.; ROSA, A.N. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de pesos e ganhos de peso de animais Nelore após a desmama. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, 7(2): 286-302, 1978.
- FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Transaction of Royal Society, Edinburgh*, 52: 339-433, 1918.
- FOULLEY, J.L.; GIANOLA, D.; SAN CRISTOBAL, M.; IM, S. A method for assessing extent and sources of heterogeneity of residual variances in mixed linear models. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 73(6): 1612-24, 1990.
- FREEMAN, A.E. Components of variance: their history, use and problems in animal breeding. In: VAN VLECK, L.D. & SEARLE, S.R., ed. *Variance components and animal breeding*. Ithaca, Cornell University, 1979. cap.2, p.43-57.

- FREITAS, M.A.R. Influência de fatores de meio e herança sobre o peso de animais da raça Guzerá aos 365 dias de idade. Belo Horizonte, 1975. 71p. (Mestrado - Escola de Veterinária/UFMG)
- GIANDIA, D. & GOFFINET, B. Sire evaluation with best linear unbiased predictor. Biometrics, Washington, 38(4): 1025-88, 1982.
- GIANOLA, D. & FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. Journal of Animal Science, Champaign, 63(1): 217-44, 1986.
- GRASER, H.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, 64(5): 1362-70, 1987.
- GROENEVELD, E. & KOVAC, M. A note on multiple solutions in multivariate restricted maximum likelihood covariance component estimation. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(8): 2221-9, 1990.
- HARTLEY, H.O. & RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. Biometrika, London, 54(1/2): 93-108, 1967.
- HARVEY, W.R. Mixed model capabilities of LSML76. Journal of Animal Science, Champaign, 54(6): 1279-85, 1982.
- HARVEY, W.R. User's guide for LSMLMW: mixed model least-squares and maximum likelihood computer program. Columbus, Ohio State University, 1985. 55p.
- HARVEY, W.R. User's guide for LSML76: mixed model least-squares and maximum likelihood computer program. Columbus, Ohio State University, 1979. 76p.
- HARVILLE, D.A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. Journal of the American Statistical Association, Washington, 72: 320-40, 1977.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics, Betesda, 28: 476-90, 1943.
- HEMMERLE, W.J. & HARTLEY, H.O. Computing maximum likelihood estimates for the mixed model A.O.V. model using the W transformations. Technometrics, Washington, 15(4): 819-31, 1973.

- HENDERSON, C.R. Application of linear models in animal breeding. Ontario, University of Guelph, 1984. 462p.
- HENDERSON, C.R. Avaliação de vacas e touros In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS, 1, Coronel Pacheco, 1982. Anais. Coronel Pacheco, EMBRAPA/CNPGL, 1982. p.137-68.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. Biometrics, Washington, 31: 423-49, 1975a.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction of nonadditive genetic merits in noninbred populations. Journal of Animal Science, Champaign, 60(1): 111-7, 1985a.
- HENDERSON, C.R. Equivalent linear models to reduce computations. Journal of Dairy Science, Champaign, 68: 2267-77, 1985b.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance in animal models and reduced animal model for single traits and single records. Journal of Dairy Science, Champaign, 69: 1394-1402, 1986a.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. Biometrics, Washington, 4(2): 226-52, 1953.
- HENDERSON, C.R. Inverse of a matrix of relationships due to sires and maternal grand sires in an inbred population. Journal of Dairy Science, Champaign, 59: 1585-90, 1976a.
- HENDERSON, C.R. MIXQUE and REML estimation of additive and nonadditive genetic variances. Journal of Animal Science, Champaign, 61(1): 113-21, 1985c.
- HENDERSON, C.R. Prediction of future records. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, Ames, 1976. Proceedings. Ames., Ohio State University Press., 1977. p.615-38.
- HENDERSON, C.R. A rapid method for computing the inverse of a relationship matrix. Journal of Dairy Science, Champaign, 58(11): 1727-30, 1975b.
- HENDERSON, C.R. Recent developments in variance and covariance estimation. Journal of Animal Science, Champaign, 63: 208-16, 1986b.

- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F., ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington, D.C. American Society of Animal Science, 1963. p.141-63.
- HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. Biometrics, Washington, 32(1): 69-84, 1976b.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetics trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR JAY LUSH, Champaign, 1973. Proceedings. Blacksburg, American Society of Animal Science, 1973. p.10-41.
- HENDERSON, C.R. Use of average numerator relationship for multiple-sire joining. Journal of Animal Science, Champaign, 66(7): 1614-21, 1988.
- HENDERSON, C.R. Use of relationship among sires to increase accuracy of sire evaluation. Journal of Dairy Science, Champaign, 58: 1731-8, 1975c.
- HENDERSON, C.R. & QUAAS, R.L. Multiple traits evaluation using relatives' records. Journal of Animal Science, Champaign, 43(6): 1188-97, 1976.
- HOESCHELE, I. Comparison of "maximum a Posteriori estimation" and "quasi best linear unbiased prediction" with threshold characters. Journal of Animal Breeding and Genetics, Hamburg, 105: 337-61, 1988.
- HUDSON, G.F.S. & VAN VLECK, L. D. Estimation of components of variance by method 3 and Henderson's new method. Journal of Dairy Science, Champaign, 65(3): 435-41, 1982.
- JENNRICH, R.I. & SAMPSON, P.F. Newton-Raphson and related algorithms for maximum likelihood variance component estimation. Technometrics, Alexandria, 18(1): 11-7, 1976.
- JENSEN, E.L. Bull groups and relationship among sires in best linear unbiased estimation sire evaluation models. Journal of Dairy Science, Champaign, 63: 2111-6, 1980.
- JENSEN, J. & MAO, I.L. Transformations algorithms in analysis of single trait and of multitrait models with equal design matrices and one random factor per trait: a review. Journal of Animal Science, Champaign, 66: 2750-61, 1988.

- JENSEN, J.; MAO, I.L.; ANDERSEN, B.B.; MADSEN, P. Genetic parameters of growth, feed intake, feed conversion and carcass composition of dual-purpose bulls in performance testing. *Journal of Animal Science*, Champaign, 69(3): 931-9, 1991.
- KEELE, J.W.; LONG, T.E.; JOHNSON, R.K. Comparison of methods of estimating variance components in pigs. *Journal of Animal Science*, Champaign, 69(4): 1428-34, 1991.
- KEELE, J.W.; JOHANSON, R.K.; YOUNG, L.D.; SOCHA, T.E. Comparison of methods of predicting breeding values of swine. *Journal of Animal Science*, Champaign, 66: 3440-8, 1988.
- KENDALL, M.G. & STUART, A. The advanced theory of statistics. London, Charles Griffing, 1969. v.1.
- KLASSEN, D.J.; CUE, R.I.; HAYES, J.F. Estimation of repeatability of calving ease in Canadian Holstein. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 72(11): 3013-22, 1990.
- KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Genetic and environmental group trait parameter estimates for Brahman and Brahman-derivative cattle. *Journal of Animal Science*, Champaign, 69(6): 2362-70, 1991.
- LIMA, F.A.M. Causas de variação e covariação de ganhos de peso em bezerros da raça Nelore no período de aleitamento. Belo Horizonte, 1981. 65p. (Mestrado - Escola de Veterinária/UFMG).
- LIN, C.Y. Four equivalents sets of mixed-model equations with relationship matrix for estimation of genetic parameters. *Journal of Animal Science*, Champaign, 66(7): 1627-35, 1988.
- LIN, C.Y.; LEE, A.J.; McALLISTER, A.J.; BATRA, T.R.; ROY, G.L.; VESELY, J.A.; WANTHY, J.M.; WINTER, K.A. Intercorrelations among milk production traits and body and udder measurements in Holstein Heifer. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 70(11): 2385-93, 1987.
- LIN, C.Y. & McALLISTER, A.J. Monte Carlo comparison of four methods for estimation of genetic parameters in the univariate. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 67: 2389-98, 1984.
- LIN, C.Y.; McALLISTER, A.J.; LEE, A.J. Multitrait estimation of relationships of first lactation yields to body weight changes in Holstein heifers. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 68: 2954-63, 1985.

- LUI, Z.T.; ZHANG, Y.; XIE, C.T. Study of the methods for estimation of variance components in pigs. Chinese of Journal of Animal Science, Champaign, 25(1): 16-8, 1989.
- LUSH, J.L. Animal breeding plans. 3.ed. Ames, Iowa State Univ. Press, 1945. 443p.
- LUSH, J. L. The bull index problem in the light of modern genetics. Journal of Dairy Science, Champaign, 16: 501-22, 1933.
- LUSH, J.L. Family merit and individual merit as bases for selection. Part 1. The American Naturalist, Chicago, 81 (799): 241-61, 1947.
- LUSH, J.L. Melhoramento genético dos animais. Rio de Janeiro, Aliança para o Progresso, 1964. 570p.
- LUSH, J.L. The number of daughters necessary to prove a sire. Journal of Dairy Science, Champaign, 14: 209-20, 1931.
- MACKINNON, M.J.; TAYLOR, J.F.; HETZEL, D.J.S. Genetic variation and covariation in beef cow and bull fertility. Journal of Animal Science, Champaign, 68(5): 1208-14, 1990.
- MARIANTE, A. S. Growth and reproduction in Nellore cattle in Brazil: genetic parameters and effects of environmental factors. Gainesville, 1978. 131p. (Doutorado - Universidade da Florida).
- MEYER, K. Restricted maximum likelihood to estimate variance components for mixed models with two random components factors. Genetic Selection Evolution, Toulouse, 19: 49-68, 1987.
- MILAGRES, J.C. Seleção dentro de rebanho - gado de corte. Campo Grande, EMBRAPA/CNPGC, 1987. 22p. (EMBRAPA/CNPGC. Circular Técnica, 21).
- MIRANDA, J.J.F. Efeito de herança e meio sobre o peso de bezerros da raça Guzerá ao nascimento. Belo Horizonte, 1973. 78p. (Mestrado - Faculdade de Medicina Veterinária/UFMG).
- MONTEIRO, L.A. Efeitos de herança e meio que afetam os pesos aos 12 e 18 meses de idade e o ganho de peso de 12 a 18 meses de idade em animais da raça Nelore. Belo Horizonte, 1977. 71p. (Mestrado - Faculdade de Medicina Veterinária/UFMG).

- MORTARI, N. Estudo genético-quantitativo de características ponderais do período pré-desmame em gerações sucessivas de um rebanho Nelore. Ribeirão Preto, 1976. 127p. (Mestrado - Faculdade de Medicina/USP).
- OLIVEIRA, J.A. de. Estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais no período do nascimento à desmama de bovinos da raça Canchim. Ribeirão Preto, 1977. 109p. (Mestrado - Faculdade de Medicina/USP).
- OLIVEIRA, J.A. de. Estudo genético quantitativo do desenvolvimento do gado Canchim. Ribeirão Preto, 1979. 146p. (Doutorado - Faculdade de Medicina/USP).
- OUWELTJES, W.; SCHAEFFER, L.R.; KENNEDY, B. W. Sensitivity of methods of variance component estimation to culling type of selection. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 71(3): 773-9, 1988.
- PACKER, I.U. Análise genética do nascimento até a desmama de bezerrões Canchim. Piracicaba, 1977. 173p. (Livro - docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PACKER, I.U.; SILVA, A.H.G.; BARBOSA, P.F. Parâmetros genéticos do crescimento até os 30 meses em animais da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 16., Curitiba, 1979. Anais. Curitiba, SBZ, 1979. p.63.
- PATTERSON, H.D. & THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, London, 58: 545-54, 1971.
- POLLAK, E.J & QUAAS, R.L. Monte Carlo study of within-herd multiple trait evaluation of beef cattle growth traits. *Journal of Animal Science*, Champaign, 52(2): 248-56, 1981.
- POLLAK, E.J.; UFFORD, G.R.; GROSS, S.J. Comparison of alternative modelos for within-herd genetics evaluation of beef cattle. *Journal of Animal Science*, Champaign, 45: 1010-5, 1977.
- QUAAS, R. L. Additive genetic model with groups and relationships. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 71: 1338-45, 1988.
- QUAAS, R.L. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*, Alexandria, 949-53, 1976.

- QUAAS, R.L. Transformed mixed model equations: A recursive algorithm to eliminate A^{-1} . Journal of Dairy Science, Champaign, 72(7): 1937-41, 1989.
- QUAAS, R.L. & POLLAK, J. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. Journal of Animal Science, Champaign, 51(6): 1277-87, 1980.
- QUAAS, R.L. & POLLAK, E.J. Modified equations for sire models with groups. Journal of Dairy Science, Champaign, 64(9): 1868-72, 1981.
- RAO, C.R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. Journal of Multivariate Analysis, San Diego, 1: 445-56, 1971.
- ROBERTSON, A. The effect of solution on the estimation of genetic parameters. Journal of Animal Breeding and Genetics, Hamburg, 94: 131-5, 1977.
- ROSA, A.N.; SILVA, M.A.; LUDWIG, A. Parâmetros genéticos e fenotípicos de pesos corporais ajustados pela curva de crescimento de animais da raça Nelore. Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Viçosa, 7(2): 329-45, 1978.
- ROTHSCHILD, M.F.; HENDERSON, C.R.; QUAAS, R. L. Effects of selection on variances and covariances of simulated first and second lactations. Journal of Dairy Science, Champaign, 62(6): 996-1002, 1979.
- SAS INSTITUTE. The varcomp procedure: operating systems; All. In:----- SAS, User's guide; statistics. 5. ed. Cary, 1985. cap.41, p.817-23.
- SCHAEFFER, L.R. Maximum likelihood estimation of covariance components in dairy cattle breeding research. Journal of Dairy Science, Champaign, 59: 2146-51, 1976.
- SCHAEFFER, L.R. Estimation of genetic covariances from sire progeny test results. Journal of Dairy Science, Champaign, 64(3): 546-51, 1981.
- SCHAEFFER, L.R. Pseudo expectation approach to variance component estimation. Journal of Dairy Science, Champaign, 69: 2884-9, 1986.
- SCHAEFFER, L.R. & HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction when error vector is correlated with other random vectors in the model. Genetic Selection Evolution, Toulouse, (3): 395-400, 1983.

- SCHAEFFER, L. R.; WILTON, J. W.; THOMPSON, R. Simultaneous estimation of variance and covariance components from multitrait mixed model equations. *Biometrics*, Alexandria, 34(2): 199-208, 1978.
- SEARLE, S.R. Linear models. New York, John Wiley, 1971. 532p.
- SEARLE, S.R. Variance components - some history and a summary account of estimation methods. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, Hamburg, 106(1): 1-29, 1989.
- SILVA, A.H.G.; PACKER, I.U.; BARBOSA, P.F. Parâmetros genéticos do crescimento até os 24 meses em animais da raça Canchim. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 16., Curitiba, 1979. Anais. Curitiba, SBZ, 1979. p.16.
- SILVA, M.A. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 57: 963-9, 1974.
- SILVA, R.G. Métodos de genética quantitativa; aplicados ao melhoramento animal. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162p.
- SMITH, D.W. & MURRAY, L.W. An alternative to eisenhart's model II and mixed model in the case of negative variance estimates. *Journal of American Statistics Association*, Washington, 79(385): 145-57, 1984.
- SMITH, S.P. & GRASER, H.U. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 69(4): 1156-65, 1986.
- SORENSEN, D.A. & KENNEDY, B.W. Analysis of selection experiments using mixed model methodology. *Journal of Animal Science*, Champaign, 63(3): 245-58, 1986.
- SORENSEN, D.A. & KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. *Journal of Animal Science*, Champaign, 59(5): 1213-23, 1984.
- SOUTHWOOD, O.I.; KENNEDY, B.W.; MEYER, K.; GIBSON, J.P. Estimation of additive maternal and cytoplasmic genetic variances in animal models. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 72(11): 3006-12, 1989.

- SZKOTNICKI, W.J.; TONG, A.K.W.; KROTCH, K.M.; SHARABY, A. Maximum likelihood estimation of genetic parameters in Canadienne, Brown Swiss, and milking Shorthorn. Canadian Journal of Animal Science, Ottawa, 58: 271-6, 1978.
- TAYLOR, J.F. & EVERETT, R.W. Estimation of variance components by the expectation-maximization algorithm for restricted maximum likelihood in a repeatability model for semen production. Journal of Dairy Science, Champaign, 68(11): 2948-53, 1985.
- TEMPELMAN, R.J. & BURNSIDE, E.B. Additive and nonadditive genetic variation for conformation traits in Canadian Holsteins. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(8): 2214-20, 1990a.
- TEMPELMAN, R.J. & BURNSIDE, E.B. Additive and nonadditive genetic variation for production traits in Canadian Holsteins. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(8): 2206-13, 1990b.
- THOMPSON, R. Estimation of quantitative genetic parameter. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, Ames, 1976. Proceedings. Ames., Ohio State University Press., 1977. p.639-57.
- THOMPSON, R. The estimation of variance and covariance components with an application when records are subject to culling. Biometrics, Alexandria, 29: 527-50, 1973.
- THOMPSON, R. Sire evaluation. Biometrics, Alexandria, 35(1): 339-53, 1979.
- TONG, A. K.W.; KENNEDY, B.W.; MOXLEY, J.C. Heritabilities and genetic correlations for the first three lactations from records subject to culling. Journal of Dairy Science, Champaign, 62: 1784-90, 1979.
- TORRES, J.R. Fatores de variação de peso de bezerras Zebus. II. Mês, sexo, e idade da vaca. Experimentiae, Viçosa, 1: 355-443, 1961.
- TUPY, O. Efeitos do pai do feto sobre a produção de leite na lactação subsequente de vacas da raça Caracu. Belo Horizonte, 1985. 30p. (Mestrado - Escola de Veterinária /UFMG).
- VANRADEN, P.M. & JENSEN, E.L. Prediction of transmitting abilities for Holstein type traits. Journal of Dairy Science, Champaign, 73(1): 191-7, 1990.

- VANRAADEN, P.M. & JUNG, Y.C. A general purpose approximation to REML: the tilde-hat approach. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 71(1): 187-94, 1988.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G. P., ed. 2.ed. Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fund. Cargill, 1987. v.1, cap.5, p.135-214.
- VIANNA, A.T.; ALBA, S. de; PAEZ, G; MAGOFKE, C. Forma en que se hereda el peso al nacer y la longitud de gestación en el ganado Charoles. *Turrialba*, San Jose, 14(3): 120-7, 1964.
- VIANNA, A.T.; BARBIN, D.; GOMES, F. P. Aspectos do melhoramento genético do gado Canchim. *Anais da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"*, Piracicaba, 27: 99-115, 1970.
- VIANNA, A.T.; GOMES, F.P.; SANTIAGO, M. Formação do gado Canchim pelo cruzamento Charolês Zebu. 2.ed. São Paulo, Nobel, 1978. 193p.
- VIANNA, A.T. & MIRANDA, R. M. Contribuição ao estudo do Comportamento do Charolês e dos mestiços Charolês-Zebu na Fazenda de Criação de São Carlos. Rio de Janeiro, Serviço de Informação Agrícola, 1948. 31p. (SIA. Publicação, 2).
- WALTER, J.P. & MAO, I.L. Multiple and single trait analysis for estimating genetic parameters in simulated populations under selection. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 68: 91-8, 1985.
- WOOD, C.M.; CHRISTIAN, L.L.; ROTHSCHILD, M.F. Use of an animal model in situations of limited subclass numbers and high degrees of relationships. *Journal of Animal Science*, Champaign, 69(4): 1420-7, 1991
- WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationships. *American Naturalist*, Chicago, 56: 330-8, 1922