
UTILIZAÇÃO DE DIFERENTES ESTRUTURAS DE VARIÂNCIA RESIDUAL EM MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA DESCRIÇÃO DA CURVA DE CRESCIMENTO DE PERDIZES (*Rhynchotus rufescens*) CRIADAS EM CATIVEIRO

Patrícia Tholon

Programa de Pós-graduação em Zootecnia - Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Departamento de Zootecnia – Rodovia de Acesso Paulo Donato Castellani, s/n, cep 14884-900. Jaboticabal, SP, Brasil.
E-mail: ptholon@yahoo.com.br

Sandra Aidar de Queiroz

Docente da Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Departamento de Zootecnia
E-mail: ptholon@yahoo.com.br

RESUMO: Os modelos de Regressão Aleatória (MRA) permitem considerar a heterogeneidade de variância residual para cada idade na descrição do crescimento animal. Entretanto, este método aumenta o número de parâmetros a serem estimados. Buscando por MRA mais parcimoniosos, algumas alternativas têm sido sugeridas. Uma delas é a utilização de diferentes estruturas residuais modelando as variâncias residuais em diferentes classes com variâncias semelhantes ou através de funções de variâncias. Neste estudo foram usadas 7369 informações de peso corporal de perdizes medidos do nascimento aos 210 dias de idade de perdizes nascidas de 2000 a 2004 para análise do crescimento de perdizes. Os MRA utilizados para análise dos dados consideraram diferentes estruturas de variância residual utilizando o método da máxima verossimilhança. As variâncias residuais foram modeladas utilizando 210 classes (CL210) e 30 classes (CL30) de idades e funções de variância variando de quadrática (FV2) a nona ordem (FV9). A CL30 considerou animais pesados na mesma semana. Os efeitos aleatórios incluídos foram o genético aditivo direto e o efeito de ambiente permanente de animal. Não foi possível incluir o efeito materno no modelo. Todos os efeitos aleatórios foram modelados por polinômios de Legendre de sexta ordem (G666). Os modelos foram comparados pelo Teste de Razão de Verossimilhança (LOG L), o Critério de Informação de Akaike (AIC) e o Critério de Informação Bayesiano de Schwartz (BIC). Os melhores resultados foram obtidos pelos modelos CL210 e FV5. Concluindo, o modelo mais parcimonioso foi o FV5, podendo ser utilizado para ajustar dados de crescimento de perdizes.

Palavras-Chaves: ave silvestre, função de variância residual, polinômios de Legendre, Tinamous

USING DIFFERENT RESIDUAL VARIANCE STRUCTURE IN RANDOM REGRESSION MODELS TO DESCRIBE GROWTH CURVE OF PARTRIDGES (*Rhynchotus rufescens*) RAISED IN CAPTIVITY

ABSTRACT: Random regression models (RRM) allows considering heterogeneous residual variances to describe the growth for each age. However, this feature increases the number of parameters to be estimated in the maximization likelihood function process. Searching for more parsimonious RRM, several approaches have been suggested. One of them is the use of different structures of residual variances modelled through step function in different classes with similar variance or through variance functions. A total of 7,369 records of body weight of partridges, measured from birth to 210 days of partridges born from 2000 to 2004 were used in this research. The random regression models applied to the data set considered different structures of residual variances and were performed by the restricted maximum likelihood method. The residual variances were modeled using classes of 210 (R210) and 30 (R30) ages and variance functions with orders ranging from quadratic (VF2) to nine (VF9). The R30 considered birds weighted in the same week. The random effects included were the genetic additive direct and the permanent environment effects of the animal. It was not possible to include the maternal effects in the models. All random effects were modelled by sixth order regression on Legendre polynomials. The models were compared by the likelihood ratio test, the Akaike's information criterion and the Schwarz's Bayesian information criterion. Best results were showed by the models R210 and VF5. In conclusion, the most parsimonious model was VF5 and should be applied to fit growth records of partridges.

Keywords: Legendre polynomials, residual variance function, step function, Tinamous wild bird

INTRODUÇÃO

Nos processos de avaliação genética e seleção, na avicultura de corte, uma das características mais importantes é a taxa de crescimento. Estudos envolvendo modelagem e descrição da curva de crescimento e seus componentes são amplamente discutidos na literatura. Entretanto, inexistem programas de seleção que visem progressos genéticos para a forma da curva. Dados de pesagens são difíceis de ser padronizados a uma determinada idade, dificultando ainda mais o processo de avaliação genética, especialmente no caso de perdizes, cujas eclosões são diárias e não há estudos sobre o armazenamento dos ovos.

A utilização de medidas feitas, seqüencialmente, no mesmo animal, ao longo do tempo, está merecendo, nos últimos anos, uma maior atenção dos pesquisadores em melhoramento animal. Este tipo de característica tem sido estudada mediante o emprego de funções de covariâncias, dentre as quais, os modelos de regressão aleatória têm merecido maior atenção dos melhoristas.

Características que se alteram em função do tempo apresentam determinado valor em cada uma das possíveis idades, podendo ser consideradas características diferentes e, portanto, de dimensão infinita (Kirkpatrick *et al.* 1990).

As variâncias e covariâncias de características de dimensão infinita são representadas por funções contínuas, denominadas “Funções de Covariância” (Sakaguti, 2000). Funções de covariância são uma forma de modelar as variâncias e covariâncias no decorrer do tempo, e podem ser descritas como regressões aleatórias onde as covariáveis são expressões padronizadas do tempo variando de -1 a $+1$ (Schaeffer, 2002).

Kirkpatrick *et al.* (1990), analisando dados longitudinais, ou seja que apresentam distribuição contínua, propuseram a utilização de funções de covariância, para a análise de medidas de crescimento, equivalentes a matrizes de covariância para os modelos multivariados de dimensão finita.

Estas funções podem ser obtidas a partir das matrizes de variância e covariância dos modelos de dimensão finita, ou através das matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão, estimadas pelos modelos de regressão linear (Schaeffer, 1996).

Segundo Meyer (2002), os modelos de regressão aleatória para dados longitudinais, geralmente, necessitam de um número considerável de parâmetros para descrever as funções de covariâncias associadas, fazendo com que estejam sujeitos a

problemas de amostragem e restrições computacionais. Van Der Werf & Shaeffer (1997) comentaram que este tipo de característica merece um tratamento estatístico especial, uma vez que medidas como o crescimento, apresentam correlações de diferentes magnitudes, dependendo da distância entre as medidas.

As funções de covariância permitem descrever mudanças graduais das covariâncias com o passar do tempo e prever variâncias e covariâncias para pontos ao longo de uma trajetória, mesmo que haja pouca ou nenhuma informação entre os pontos, através da utilização de informações de todas as outras medidas (El Faro, 2002).

De acordo com Meyer (1998a), até recentemente, os modelos de regressão aleatória eram ignorados na prática do melhoramento animal, embora fossem comuns em outras áreas. A utilização de modelos de regressões aleatórias, em lugar de avaliações pontuais (em cada idade), traz como vantagem a separação da variação da curva de crescimento fenotípica em seus diferentes efeitos, isto é, genético aditivo direto, genético materno, de ambientes permanentes individual e materno e de ambiente temporário, através da determinação dos coeficientes de regressão aleatórios para estes diferentes efeitos. Com este modelo, poder-se-ia encontrar DEPs (Diferença Esperada na Progênie) para qualquer idade desejada, mesmo para idades em que o animal não tenha sido pesado, e examinar funções da curva de crescimento (ex. taxa de crescimento entre duas idades). Além disto, não há necessidade de utilizar fatores de ajuste para a idade (procedimento bastante comum para algumas espécies de animais domésticos, como bovinos de corte, uma vez que esta está incluída na matriz de delineamento).

Os modelos de regressão aleatória permitem o ajuste de curvas de crescimento aleatórias para cada animal, expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de indivíduos (Schaeffer, 1996), obtendo-se valores genéticos para os coeficientes de regressão genéticos. Assim, ajusta-se uma curva de regressão fixa, que expressa a tendência média da população, e outras curvas aleatórias, para os efeitos genético e de ambiente permanente, considerando a heterogeneidade de variâncias residuais. A principal implicação é que através deste método há a possibilidade de alterar a forma da curva de crescimento através de seleção, o que significa a possibilidade de alterar a taxa de maturidade sem, entretanto, modificar o peso adulto (Varona *et al.*, 1997). Esta é uma consideração muito importante, uma vez que não se deseja alterar o peso vivo final (de abate), e sim aumentar a velocidade de crescimento,

melhorando a conformação de carcaça, principalmente de peito, que é considerado corte nobre, e cuja vocação zootécnica é presente na espécie em estudo. Segundo MORO *et al.* (2006) a perdiz apresenta rendimento médio de carcaça de 74,4% com 36,6% de carne de peito. Os valores médios de umidade, proteínas, lipídios, cinzas e colesterol correspondem a 55,9%, 29,1%, 5,6%, 1,2% e 70 mg/100g, respectivamente para este corte, sendo estes valores coerentes com as exigências dos mercados consumidores atuais.

Modelos de regressão aleatória (MRA) foram usados para a estimação de parâmetros genéticos para peso (Huisman *et al.*, 2002) e tamanho da leitegada em suínos (Luković *et al.*, 2004), tendo-se obtido excelente ajuste na curva de crescimento. Entretanto, seu emprego para o estudo de dados longitudinais em aves ainda é restrito, podendo-se documentar apenas os trabalhos de Mielenz *et al.* (2002), Quinton *et al.* (2002) e Anang *et al.* (2002), com curva de postura.

Muitos aspectos ainda precisam ser estudados antes que este método possa ser empregado, rotineiramente, nas avaliações genéticas na avicultura. No contexto avícola, esta metodologia permitiria a determinação de parâmetros genéticos e fenotípicos e a avaliação genética dos animais, mediante a utilização de todos os dados de pesagens, de espécies cujo crescimento e desenvolvimento ainda não estão totalmente descritos, como é o caso da perdiz.

O presente trabalho teve por objetivo utilizar diferentes estruturas de variância residual em modelos de regressão aleatória para descrever a curva de crescimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

Para este estudo foram utilizados 7.369 dados de pesagens de 408 filhotes de perdizes do nascimento aos 210 dias de idade, de quatro ciclos produtivos (setembro a maio de 2000 a 2004), do Setor de Animais Silvestres do Departamento de Zootecnia, da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

Semanalmente foram feitas pesagens individuais dos animais, e quando estes atingiram

$$Y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_R-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_i$$

em que:

Y_{ij} = j-ésima medida do i-ésimo animal;

F = conjunto de efeitos fixos que incluiu grupo de contemporâneos (ano e quinzena de nascimento) e sexo;

β_m = m-ésimo coeficiente de regressão do peso sobre a idade para a média da população (fixo);

α_{im} e γ_{im} = m-ésimos coeficientes de regressão genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, para o i-ésimo animal (aleatórios);

k_b , k_A e k_R = ordem dos polinômios a serem ajustados;

t_{ij} = j-ésima idade do i-ésimo animal;

$\phi_m(t_{ij})$ = m-ésima função polinomial a ser avaliada para t_{ij} ;

cerca de 250 g foi feita a sexagem por reversão da cloaca, de acordo com o procedimento descrito por Moro (1991).

A alimentação das aves constituiu de ração peletizada à base de milho e soja, com 89,7% de matéria seca; 3,6% de extrato etéreo; 4,4% de fibra bruta; 14,9% de proteína bruta; 56,8% de extrativo não nitrogenado, fornecida *ad libitum*, diariamente, em comedouros tubulares. O fornecimento de água também foi *ad libitum*, utilizando bebedouros do tipo pendular, sendo que a limpeza dos mesmos era feita a cada dois dias.

Quanto ao manejo sanitário, somente foram feitas as práticas de checagem das infestações por endo e ectoparasitas. Os animais permaneceram em galpões isolados de outras aves selvagens por meio de telas, minimizando a transmissão de enfermidades. Não foi utilizado qualquer programa de vacinação uma vez que, segundo Sousa *et al.*, (1999) estes animais não apresentam sintomas da doença de New Castle e não foram detectados quaisquer outros sintomas das principais patologias que acometem as criações da avicultura tradicional.

A coleta de ovos e incubações foram realizadas diariamente. A temperatura e a umidade relativa de incubação do primeiro ao 15º dia foi de 35,5°C e 70%, respectivamente. A partir do 16º dia até a eclosão os ovos foram transferidos para o nascedouro sob as mesmas condições de umidade e temperatura.

Para possibilitar a determinação do “pedigree” dos animais, os ovos foram identificados com etiquetas adesivas, contendo o número da família (box) e o número seqüencial do ovo. Ao nascimento, os animais foram pesados e anilhados provisoriamente com combinações diferentes de anilhas coloridas nas patas, para então serem transferidos ao box de cria, em condições semelhantes às descritas anteriormente para os boxes de reprodutores. O perdigoto, ao atingir aproximadamente 90g, recebeu anilha definitivo na asa, numeradas com seis dígitos. Os filhotes receberam aquecimento somente nas primeiras semanas de vida, devido às grandes oscilações térmicas, principalmente nos meses de abril a agosto.

Foram utilizados modelos de regressão aleatória, considerando um modelo animal simples como proposto por Meyer (1998a), descrito a seguir:

ε_i = erro aleatório associado a cada pesagem i do animal j .

Em termos matriciais o modelo pode ser descrito por:

$$Y = Xb + Z\alpha + W\gamma + \varepsilon \quad \text{em que:}$$

Y é o vetor das observações; b é o vetor de efeitos fixos que incluiu as soluções para grupo de contemporâneos e sexo da ave; α e γ são os vetores de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente,

respectivamente; ε é o vetor dos efeitos residuais e X , Z e W são as matrizes de incidência para os efeitos fixos, aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal, respectivamente.

As pressuposições em relação aos componentes são:

$$E \begin{bmatrix} Y \\ \alpha \\ \gamma \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$V \begin{bmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_A \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & K_R \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_\varepsilon^2 D \end{bmatrix}$$

K_A e K_R são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal, respectivamente. Assume-se nesse modelo, que não há correlação entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos aditivos e de ambiente permanente do animal. A é a matriz de parentesco entre os indivíduos; I é uma matriz identidade; \otimes é o produto de Kronecker entre matrizes; D representa uma matriz de bloco diagonal, contendo as variâncias residuais; σ_ε^2 representa a variância do erro. Não foi possível incluir no modelo o efeito materno devido ao pequeno número de informações de mães no arquivo. A formação de casais somente foi possível nos últimos dois anos de coleta, de acordo com a disponibilidade de animais.

A formação e editoração dos arquivos e as análises estatísticas preliminares foram feitas no programa computacional SAS (1999), tendo sido descartados animais com menos de 5 informações por reprodutor e 3 informações de pesagens, assegurando que os pesos iniciais correspondiam a valores reais, descartando animais doentes, cuja mortalidade ocorria durante o primeiro mês de vida. Esses animais :

apresentavam peso abaixo do esperado e morriam antes do primeiro mês de vida. Portanto, o menor número de informações obtidas nas primeiras semanas de idade foi devido ao processo de consistência do arquivo de dados.

O mesmo ocorreu para as informações de idades maiores, uma vez que somente os animais que nasceram no início do ciclo apresentaram informações de pesos em idades superiores a 30 semanas. Os que nasceram no final de ciclo foram pesados com menor frequência que os demais, resultando em menor volume de informação nas fases posteriores. A estrutura de dados permitiu a utilização de informações de 67 reprodutores, 17 matrizes e 27 avós no “pedigree”.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando um algoritmo livre de derivadas, disponível nos programas DFREML/DXMRR (Meyer, 1998b).

As funções de covariância foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre (ϕ_k) (Kirkpatrick *et al.*, 1990,1994), definidos como

$$\phi_k(a_i^*) = \frac{1}{2} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{\lfloor k/2 \rfloor} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (a_i^*)^{k-2m},$$

em que:

a_i^* = idades padronizadas para a amplitude em que o polinômio k é definido $[-1 a +1]$;
 A padronização das idades é dada por:

$$a_i^* = \frac{2(a_i - a_{min})}{a_{max} - a_{min}} - 1, \text{ sendo:}$$

a_{min} e a_{max} e as idades mínima e máxima, respectivamente, existentes no conjunto de dados (1 e 210 dias) e m variando de 0 a $[k/2]$. (Abramowitz & Stegun, 1965 citados por Meyer, 1998a).

Na Tabela 1 é apresentada a estrutura de dados utilizada na análise dos dados.

Segundo Albuquerque & Meyer (2001), a ordem máxima de ajuste dos polinômios deve ser menor ou igual ao número de registros de maior frequência dos animais. Entretanto, de acordo com este critério, a ordem de ajuste deveria ser, no máximo, a 18ª ordem (19 parâmetros), causando

dificuldades computacionais. Nos trabalhos que adotam este critério são raros os conjuntos de dados que apresentam mais de 10 informações de pesagens por animal, assim, optou-se por iniciar as análises testando modelos a partir da 9ª ordem de ajuste utilizando os valores dos quadrados médios residuais como critério.

Tabela 1 – Resumo da estrutura de dados utilizada nas análises de regressão aleatória de perdzizes (*Rhynchotus rufescens*).

número de animais com 4	informações	3
número de animais com 5	informações	13
número de animais com 6	informações	11
número de animais com 7	informações	7
número de animais com 8	informações	10
número de animais com 9	informações	3
número de animais com 10	informações	2
número de animais com 11	informações	4
número de animais com 12	informações	10
número de animais com 13	informações	13
número de animais com 14	informações	18
número de animais com 15	informações	26
número de animais com 16	informações	8
número de animais com 17	informações	19
número de animais com 18	informações	26
número de animais com 19	informações	62
número de animais com 20	informações	22
número de animais com 21	informações	20
número de animais com 22	informações	25
número de animais com 23	informações	34
número de animais com 24	informações	28
número de animais com 25	informações	32
número de animais com 26	informações	10
número de animais com 27	informações	2

Na Tabela 2 estão apresentados os valores dos quadrados médios do resíduo considerando uma estrutura homogênea para as variâncias residuais (R0)

para ordens dos polinômios ortogonais de Legendre, variando de cúbica a nona ordem, para os efeitos fixos.

Tabela 2 – Quadrados médios do resíduo (QM Res), considerando estrutura homogênea das variâncias residuais (R0), para ordens dos polinômios ortogonais de Legendre, variando de cúbica a nona ordem (P3, P4, P5, P6, P7, P8 e P9), para os efeitos fixos.

Ordem	QM Res	Ordem	QM Res
P3_R0	4071,51	P7_R0	3863,04
P4_R0	4024,52	P8_R0	3862,64
P5_R0	3879,77	P9_R0	3862,91
P6_R0	3863,05		

A ordem de ajuste dos efeitos fixos adotada foi igual a 6 (quintica), uma vez que houve pequena diferença em relação no quadrado médio do resíduo em relação aos demais modelos (Tabela 2).

Após a determinação da melhor ordem de ajuste para os efeitos fixos, foram iniciadas as análises genéticas, primeiramente utilizando estrutura de variância residual homogênea (R0).

Em seguida, foi admitida heterogeneidade de variâncias residuais, considerando as 210 classes de idades (CL210), classes semanais de idades (CL30) e funções de classes de variâncias residuais quadrática, cúbica, quártica, quintica, de sexta, sétima, oitava e nona ordens de ajuste, estimadas pelos coeficientes de regressão das funções de variância dados por:

$$\sigma_{e_i}^2 = \sigma_{e_0}^2 \left(1 + \sum_{r=1}^q \beta_r t_{ij}^r \right);$$

sendo:

$\sigma_{e_0}^2$ = variância do intercepto;

β_r = r coeficientes de regressão das funções de variância de ordem q;

t_{ij} = idades i para cada animal j.

Os critérios para determinação do melhor modelo de ajuste foram o Teste de Razão de Verossimilhança (LOG L), que permite comparações apenas entre modelos aninhados, favorecendo modelos com maior número de parâmetros (Meyer,

2000), o Critério de Informação de Akaike (AIC) e de Informação Bayesiano de Schwartz (BIC), que penalizam modelos superparametrizados e podem ser representados como:

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

$$BIC = -2\log L + p\log(N-r(X)), \quad (\text{Wolfinger, 1993})$$

Em que:

p = número de parâmetros estimados;

N = número de dados;

r(X) = posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo;

log L = logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 3 são apresentados os valores de LOG L (modelos aninhados), AIC e BIC para os modelos estudados.

Os três critérios para avaliação dos modelos foram concordantes, indicando a necessidade de considerar heterogeneidade de variâncias residuais, sendo a função quintica a que apresentou o melhor ajuste. O mesmo foi observado por Scarpel (2004) no

ajuste de pesos de bovinos da raça Guzerá e Dias (2004) em bovinos Tabapuã.

Na Figuras 1, 2, 3 e 4 encontram-se as estimativas dos componentes de variância (expressos como desvio-padrão) e de herdabilidade, respectivamente, obtidos para os pesos nas diferentes classes de idade admitindo homogeneidade de variâncias (R0), heterogeneidade de variâncias, considerando classes as 210 idades (CL210), classes semanais de idades (CL30) e funções de variâncias

quadrática, cúbica, quártica, quántica, de sexta, sétima, FV7, FV8 e FV9).
 oitava e nona ordem (FV2, FV3, FV4, FV5, FV6,

Tabela 3 - Número de parâmetros (p), valor da função de máxima verossimilhança (Log L), Critérios de Informação de Akaike (AIC) e de Informação Bayesiano de Schwartz (BIC) e Teste de Razão de Verossimilhança (LRT) para os modelos utilizando homogeneidade variâncias de resíduo (G_6_6_6_0), classes de variâncias residuais (CL) e funções de variâncias residuais (FV) .

	MODELOS	p	LOG L	AIC	BIC	LRT
(1)	G 6 6 6 0	43	-28354,376666	56794,753331	57091,669935	-
(2)	G 6 6 6 CL30	72	-27242,859127	54629,718255	55126,880939	(2-1) 1111,5175**
(3)	G 6 6 6 CL210	252	-26363,789007	53231,578014	54971,647411	(3-2) 879,0701**
(1)	G 6 6 6 FV2	45	-24645,929039	49381,858078	49692,584756	-
(2)	G 6 6 6 FV3	46	-24545,743878	49183,487755	49501,119471	(2-1) 100,1852**
(3)	G 6 6 6 FV4	47	-24485,153321	49064,306641	49388,843393	(3-2) 60,5905**
(4)	G 6 6 6 FV5	48	-24196,543818	48489,087637	48820,529427	(4-3) 288,6095**
(5)	G 6 6 6 FV6	49	-24219,590431	48537,180863	48875,527690	(5-4) 23,0466 ^{NS}
(6)	G 6 6 6 FV7	50	-24501,463471	49102,926941	49448,178806	(6-5) 281,87304**
(7)	G 6 6 6 FV8	51	-24500,314507	49102,629013	49454,785915	(7-6) 1,1489 ^{NS}
(8)	G 6 6 6 FV9	52	-24482,353575	49068,707149	49427,769089	(8-9) 17,9609 ^{NS}

G_6_6_6_0 = ordem de ajuste para os efeitos fixos, genéticos e de ambiente permanente = 6; CL210, CL30 = Classes Residuais; FV2, FV3, FV4, FV5, FV6, FV7, FV8 e FV9 = funções de variância.

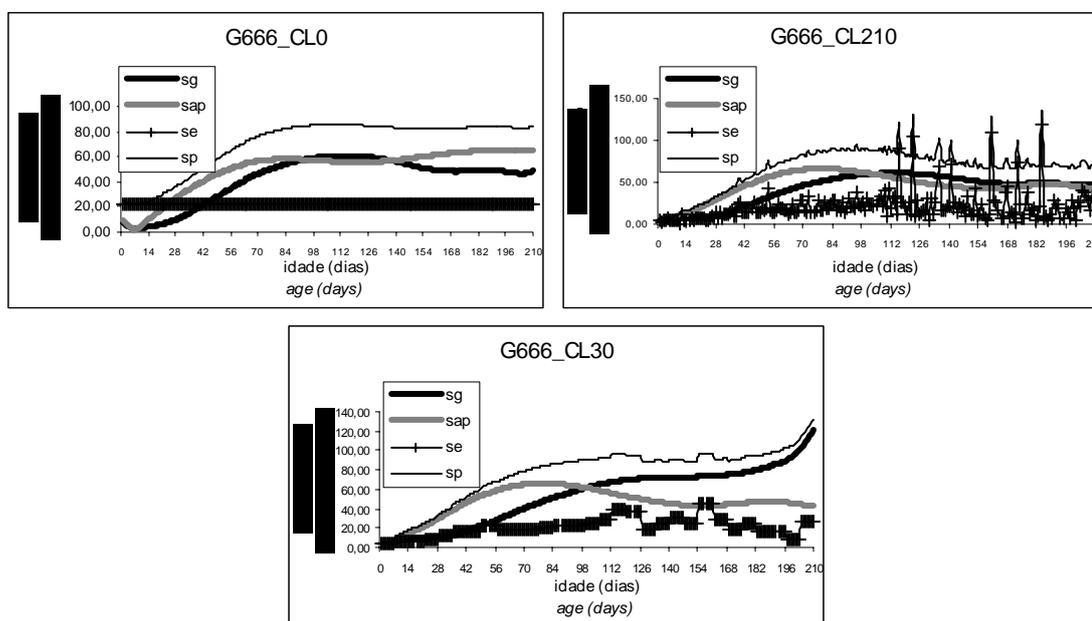


Figura 1 – Estimativas de desvios padrão fenotípico (sp), genético direto (sg), ambiente permanente (sap) e residual (se) para os modelos com homogeneidade de variância residuais (G666_CL0), e heterogeneidade de variâncias (CL210 e CL30).

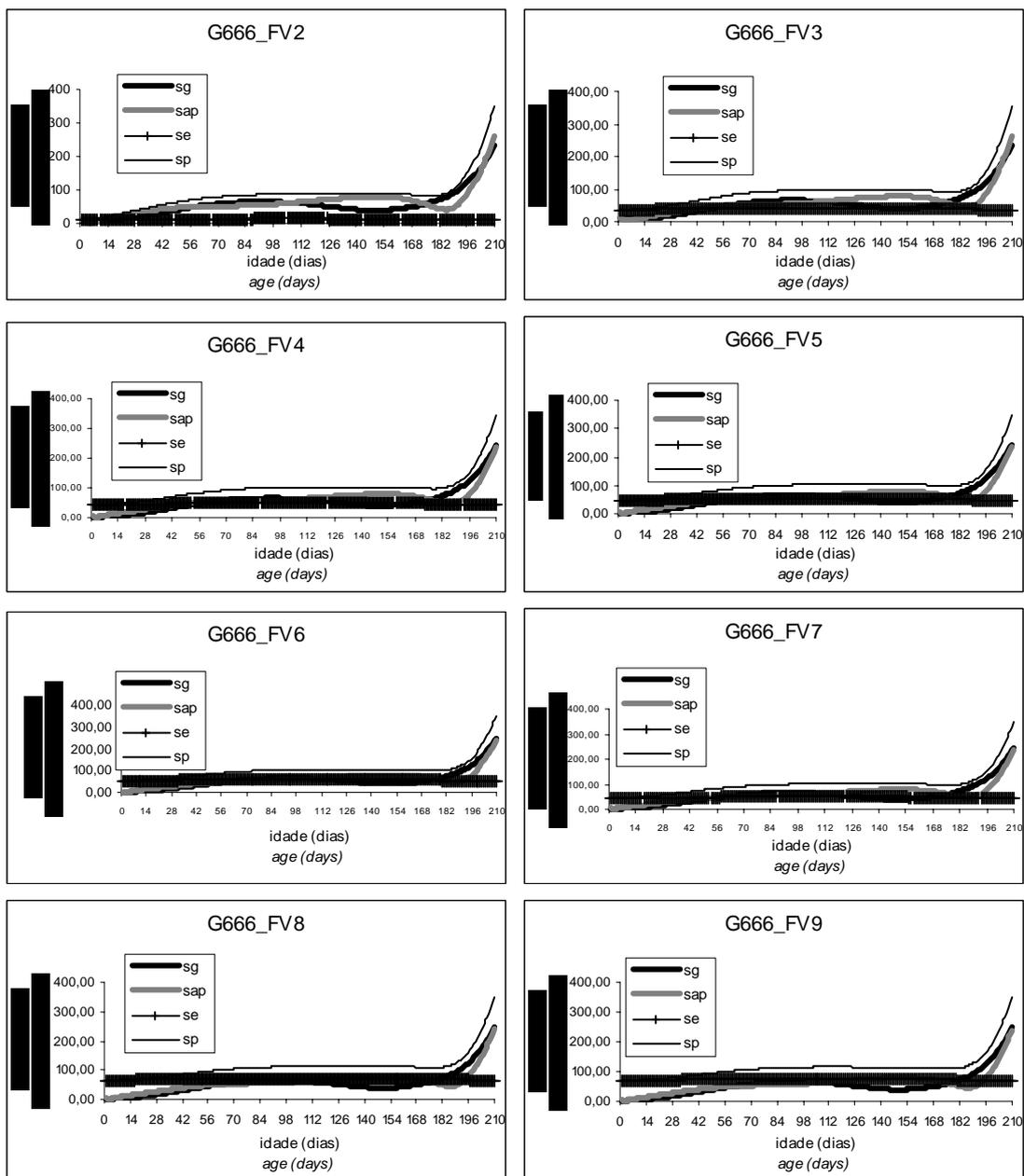


Figura 2 – Estimativas de desvios padrão fenotípico (sp), genético direto (sg), ambiente permanente (sap) e residual (se) para os modelos com heterogeneidade de variâncias residuais (FV2, FV3, FV4, FV5, FV6, FV7, FV8 e FV9).

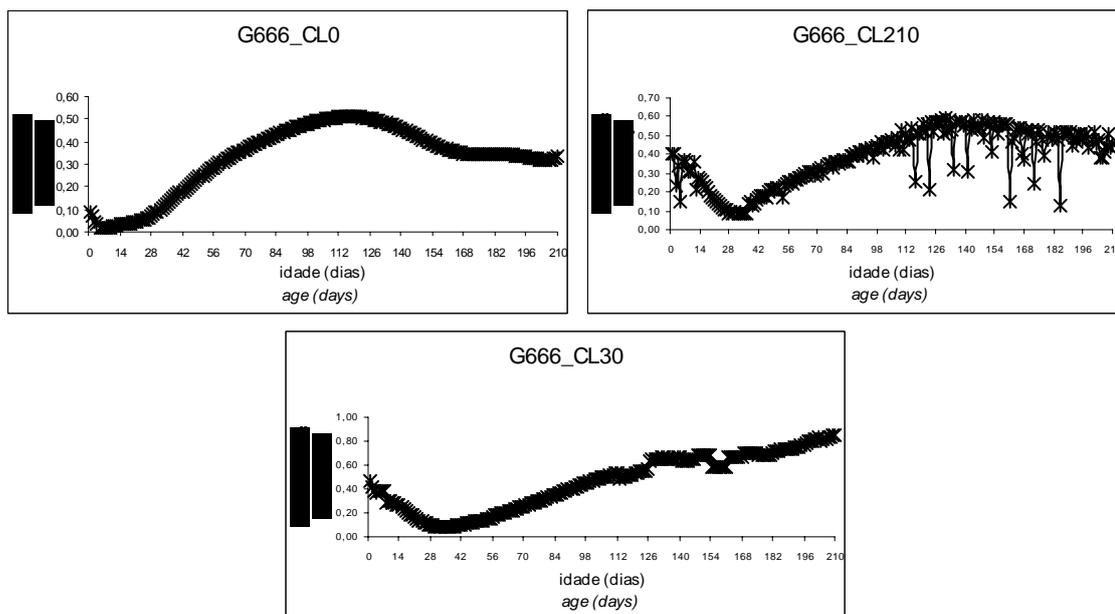


Figura 3 – Estimativas de herdabilidades para os modelos com homogeneidade de variância (G666_CL0), e heterogeneidade de variâncias residuais (CL210 e CL30).

Nas idades posteriores (a partir da 27ª semana – 189 dias) ocorreu aumento das variâncias e desvios padrão, de maneira acentuada, sendo esta tendência igualmente observada em bovinos (Meyer, 1999; Meyer, 2000, Cyrillo, 2003 e Scarpel, 2004). Entretanto, nestes estudos os pesos avaliados correspondiam apenas à fase de crescimento, sem que os animais tivessem atingido a estabilidade, não apresentando desempenhos em idade madura. No modelo considerando 210 classes de variância residual não foi observada este padrão, entretanto, algumas estimativas pontuais apresentaram picos, que provavelmente foram responsáveis pelo aumento acentuado nesta última fase do crescimento, quando consideradas outras formas de ajuste das variâncias residuais.

No presente trabalho, esperava-se que esta tendência não fosse verificada pois, o conjunto de dados estudado continha informações de toda a fase de

crescimento e pesagens de animais adultos e com peso estabilizado. Provavelmente, por não ter o apoio da estrutura de covariância da pesagem posterior, o último peso apresenta valores inflacionados para os componentes de variância. Pode-se então sugerir que as últimas estimativas apresentaram valores altos e, portanto devem ser cuidadosas as inferências sobre as estimativas dos parâmetros nestas idades.

A ordem das funções de variância residuais parece não ter grande influência na estimativa das herdabilidades, uma vez que apresentam graficamente forma semelhante. Entretanto, considerando as idades mais tardias (a partir de 112 dias de idade) a utilização de classes de variância residual (CL0, CL210 e CL30) indica melhores possibilidades de ajuste. Ficou evidente a dificuldade de modelagem da curva de crescimento após os 112 dias de idade. Espera-se que com a modelagem dos efeitos aditivos e de ambiente permanente obtenha-se melhores ajustes.

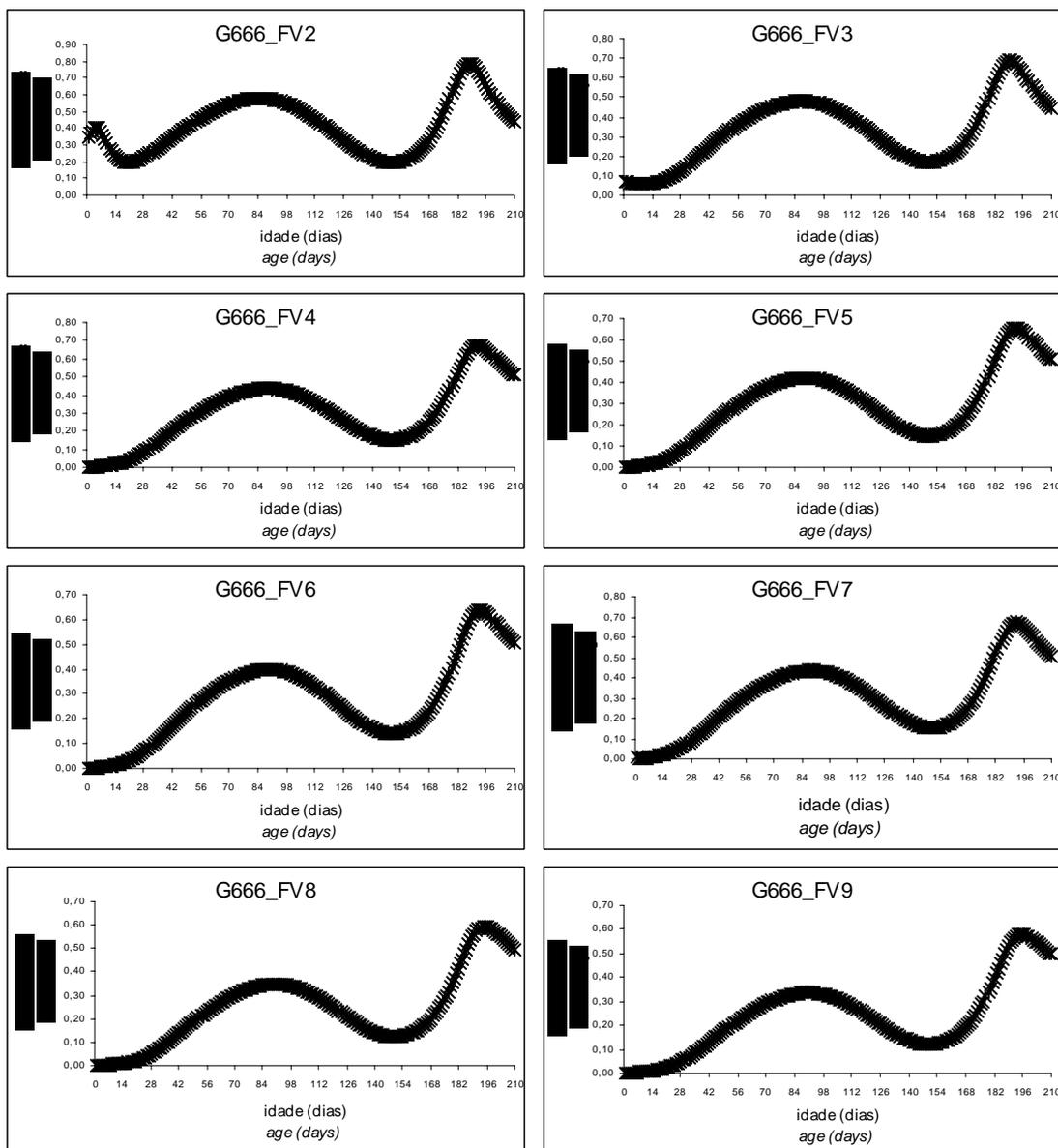


Figura 4 – Estimativas de herdabilidades para os modelos com heterogeneidade de variâncias residuais (FV2, FV3, FV4, FV5, FV6, FV7, FV8 e FV9)

CONCLUSÃO

A estrutura de homogeneidade de variâncias residuais não permitiu bons ajustes, sendo a função de quinta ordem (quintica), a mais indicada, uma vez que possibilita a utilização de modelos mais parcimoniosos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ANANG, A. *et al.* Monthly model for genetic evaluation of laying hens. II Random regression. *British Poultry Science*, v.43, n. 3, p. 384-390, 2002.

CYRILLO, J. N. S. G. Estimativas de funções de covariância para crescimento de animais machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória. 2003. Jaboticabal, 2003, 75 p. Tese de Doutorado: Universidade Estadual Paulista, 2003.

DIAS, L. T. Modelos de regressão aleatória para características de crescimento de bovinos da raça Tabapuã. Jaboticabal, 2004, 59 p. Tese de Doutorado: Universidade Estadual Paulista, 2004.

- EL FARO, L. **Estimação de componentes de (co)variâncias para produção de primeiras lactações de vacas Caracu, aplicando-se “Test-Day Models” de dimensão finita e modelos de regressão aleatória.** Jaboticabal, 2002, 102 p. Tese de Doutorado: Universidade Estadual Paulista, 2002.
- HUISMAN, A. E. *et al.* Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science.** v. 80, p. 575-582, 2002.
- KIRKPATRICK, M. *et al.* Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v. 124, p. 979-993, 1990.
- KIRKPATRICK, M. & HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal Math. Biol.**, v. 27, p.429-450, 1994.
- LUKOVIĆ, Z *et al.* A random regression model in analysis of litter size in pigs. **South African Journal of Animal Science**, v. 34, n. 4, p. 241-248, 2004.
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetic Selection Evolution**, v. 30 p. 221-240, 1998a.
- MEYER, K. “DXMRR” – a program to estimate covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. In: WORD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6. 1998, Armidale, Australia. **Proceedings...** Armidale, Australia, v. 27, p.465-466, 1998b.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics.** v. 116, n. 3, p. 181-203, 1999.
- MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v. 65, p. 19-38, 2000.
- MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of field data. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7th, 2002, Montpellier, França, **Proceedings...** (cópia em CD).
- MORO, M.E.G. **Citogenética e alguns aspectos produtivos da *Rhynchotus rufescens* – perdiz (aves: Tinamidae).** Jaboticabal, 1991, 97 p. Dissertação de Mestrado: Universidade Estadual Paulista, 1991.
- MORO, M. E. G. *et al.* Rendimento de carcaça e composição química da carne da perdiz nativa (*Rhynchotus rufescens*). **Ciência Rural**, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, v. 36, n. 1, p. 258-262., 2006.
- SAKAGUTI, E. S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos da raça Tabapuã.** Viçosa, 2000, 86 p. Tese de Doutorado: Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- SAKAGUTI, E. S. *et al.* Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia.** v. 32, n. 4, p. 864-874, 2003.
- SAS – STATISTICS ANALYSIS SYSTEMS. **User’s guide.** v. 8. Cary:SAS Institute Inc., 1999.
- SCARPEL, L. C. P. **Estimativas de parâmetros e valores genéticos para peso corporal de bovinos da raça Guzerá usando-se regressão aleatória.** Jaboticabal, 2004, 71 p. Tese de Doutorado: Universidade Estadual Paulista, 2004.
- SCHAEFFER, L. R. **Tópicos Avançados em Melhoramento Animal: Random Regression Models**, FCAV - UNESP, Câmpus de Jaboticabal, Jaboticabal, SP. p.25-33. 1996. (anotações do curso).
- SCHAEFFER, L. R. Random Regression Models. Capturado em 22/08/2002. On line. Disponível na Internet <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animalz/lesson14> .
- SOUSA, R. L. M. *et al.* Antibody response to Newcastle disease vaccination in a flock of young partridges (*Rhynchotus rufescens*). **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 30, n. 3, p. 459-641, 1999.
- VAN der WERF, J. & SCHAEFFER, L. **Random regression in animal breeding.** Course Notes, University of Guelph, Ontário, Canadá, 1997.
- VARONA, L. *et al.* Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. **Livestock Production Science.** v. 47, p. 201-209, 1997.
- WOLFINGER, R. D. Covariance structure in general mixed models. **Commun. Statist.**, v. 22B, p.1079-1106, 1993.