



## Avaliação de modelos para estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá<sup>1</sup>

Itiberê Saldanha Silva<sup>2</sup>, Irineu Umberto Packer<sup>3</sup>, Luiz Otávio Campos da Silva<sup>4</sup>, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior<sup>4</sup>, Cláudio Manoel Rodrigues de Melo<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Parte da tese de Doutorado do primeiro autor apresentada à ESALQ/USP, financiada pela CAPES.

<sup>2</sup> Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília - UnB, Brasília/DF. Bolsista da CAPES.

<sup>3</sup> Depto. Zootecnia da ESALQ/USP, Piracicaba/SP. Bolsista do CNPq.

<sup>4</sup> Embrapa Gado de Corte, Campo Grande/MS.

<sup>5</sup> Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC, Florianópolis/SC.

**RESUMO** - Foram utilizados registros de pesos de 26.314 bovinos da raça Guzerá referentes ao período de 1975 a 2001, divididos em intervalo de 90 dias do nascimento aos 630 dias de idade. Quatro modelos foram utilizados para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos usando a metodologia REML: no modelo 1, foram considerados os efeitos genéticos direto (GA), materno (GM), de ambiente permanente materno (AM) e residual; no modelo 2, eliminou-se GM; no modelo 3, excluiu-se AM; e, no modelo 4, excluíram-se GM e AM. O teste de razão de verossimilhança (LRT) não detectou diferenças significativas em quase nenhuma das classes de idades dos modelos 1 e 2. As herdabilidades diretas estimadas nos modelos 1 e 2 foram semelhantes. Os valores de herdabilidade cresceram da primeira classe de idade até a segunda, mantiveram-se até o desmame e depois cresceram. As estimativas de herdabilidade direta, nas classes de idade mais próximas dos 205, 365 e 550 dias, para os modelos 1 e 2, foram 0,15; 0,12 e 0,14 e, nos modelos 3 e 4, foram 0,15; 0,14; 0,15 e 0,26; 0,19 e 0,17, respectivamente. O modelo 3 apresentou valores maiores de herdabilidade materna, em virtude da exclusão de AM. No modelo 4, houve superestimação da variância genética aditiva, como resultado da exclusão de GM e AM. A comparação entre modelos comprovou que o modelo sem GM foi equivalente ao modelo completo 1.

Palavras-chave: bovinos de corte, estimativas de variâncias, efeitos maternos, herdabilidades

## Evaluation of models to estimate variance components and genetic parameters for growth traits of Guzerá cattle

**ABSTRACT** - Data from 26.314 animals of Guzerá cattle, weighted every 90 days from birth to 630 days, between 1975 and 2001, were used to estimate covariance components by REML methodology using four different models. The first model was the complete one and included four random components: direct genetic (GA), maternal genetic (GM), maternal permanent environmental (AM) and the residual; model 2 did not include the GM effect; model 3 did not include the AM effect and model 4 did not include both GM and AM effects. Models 1 and 2 did not differ by likelihood ratio test in almost all age classes. Direct heritability estimates obtained from models 1 and 2 were quite similar, and increased from first to second age, remained the same until weaning and then increased. Direct heritability estimates for weight in age classes close to 205, 365 and 550 days, by models 1 and 2, were respectively 0.15, 0.12 and 0.14. Estimates of the same parameter obtained by models 3 and 4 were respectively 0.15, 0.14, 0.15 and 0.26, 0.19, 0.17. Maternal heritability estimates by model 3 were higher because it did not include the AM effect. The additive genetic variance was probably superestimated by model 4 because it did not include GM and AM effects. The comparison between the models indicated that the model without GM was equivalent to the complete model 1.

Key Words: beef cattle, estimates of variances, maternal effects, heritability

### Introdução

O estudo dos componentes de variância e dos valores genéticos para características de crescimento em bovinos de corte é importante para o desenvolvimento da pecuária de corte nacional, pois possibilita obter maiores avanços genéticos e ganhos de produção no setor. O desempenho

dos bovinos é determinado pelo componente genético e pelo componente ambiental, que inclui a influência temporária ou permanente de meio ambiente.

As metodologias de estimação de parâmetros genéticos têm sido aperfeiçoadas gradativamente, todavia, a contribuição mais importante para o desenvolvimento e a aplicação de métodos de estimação de componentes de

variância no melhoramento animal foi dada por Henderson (1953). Um método de estimação de componentes de variância com dados desbalanceados muito utilizado é o dos quadrados mínimos, ou método III de Henderson (Henderson, 1953), o qual supõe amostragem aleatória, resultando em estimadores viciados, em razão da seleção, pois não corresponde à realidade dos dados.

Segundo Meyer (1989) e Keele et al. (1991), o método de máxima verossimilhança (ML), sob certas condições, pode corrigir para os efeitos de seleção. O problema observado no método ML, quando usado em modelos mistos, é que os efeitos fixos são trabalhados como se fossem conhecidos, sendo ignorada a perda de graus de liberdade com a inclusão desses efeitos. De acordo com Meyer (1989), se o número de efeitos fixos for grande, as estimativas dos componentes de variância podem ser viesadas, principalmente o componente residual.

Patterson & Thompson (1971), por meio da modificação do método ML, criaram o método da Máxima Verossimilhança Restrita REML, que maximiza apenas parte da função de probabilidade, que é independente dos efeitos fixos, método atualmente utilizado. Alguns pesquisadores (Sorensen & Kennedy, 1984; Gianola & Fernando, 1986; Van Der Werf & De Bôer, 1990), no entanto, constataram que, quando a análise é feita pelo modelo animal de Henderson & Quaas (1976) e toda matriz de parentesco é utilizada, estimadores como os de REML condensam as informações de todos os graus de parentescos para calcular os componentes de variância da população, obtendo assim uma estimativa não-viesada, mesmo na presença de seleção.

De acordo com Meyer (1992), atualmente o modelo linear misto, que considera o animal como efeito genético direto, tem sido usado para diversos propósitos e sua eficácia tem sido constatada na estimação de parâmetros genéticos.

A raça Guzerá foi introduzida no Brasil com os primeiros exemplares zebuínos trazidos da Índia para o Brasil no final do século XIX, importados por criadores de Recife, Salvador e Rio de Janeiro, sendo explorada para a produção de carne e leite (ABCZ, 2002). Essa raça na década de 40 foi prejudicada pela política de cruzamentos para formação do Indubrasil, causando drástica diminuição do plantel de animais puros. Entretanto, por sua aptidão para produção de carne e sua capacidade leiteira (de algumas linhagens), houve interesse dos criadores, a partir de 1995, na retomada da raça, o que elevou a raça Guzerá ao 4º lugar entre as raças com número de registros na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ, 2004).

Este trabalho foi desenvolvido com os objetivos de estudar diferentes modelos animais usando a metodologia de REML e definir os modelos mais adequados para descre-

ver a variação dos valores das estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos no decorrer da fase de crescimento de um conjunto de dados de bovinos da raça Guzerá e decompor de modo mais preciso os efeitos genéticos e ambientais para obtenção de informações que possam subsidiar o estudo de futuros modelos.

## Material e Métodos

Os dados utilizados são relativos aos pesos corporais de bovinos da raça Guzerá, coletados no período de 1975 a 2001, pelo Controle de Desenvolvimento Ponderal da ABCZ e cedidos pelo Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte - Embrapa, Campo Grande - MS.

O grupo de contemporâneos (G) foi definido como rebanho-ano-mês de nascimento e sexo, com a restrição de que o tamanho de cada grupo fosse composto de, no mínimo, cinco animais.

No ajuste dos modelos, foram utilizados dados das pesagens de 26.314 animais pertencentes a 46 rebanhos, incluindo aquelas do nascimento aos 630 dias de idade, resultando em 104.101 registros de pesos de controles realizados a cada três meses. As pesagens foram distribuídas em intervalos de 90 dias de idade, formando sete classes de idade. A classe de idade 1 compreendeu o intervalo de 1 a 90 dias; a classe de idade 2, o intervalo de 91 a 180 dias; e assim sucessivamente até a classe de idade 7.

Foram incluídas todas as informações de genealogia existentes. O arquivo, com as informações de genealogia dos animais para implementação da matriz de coeficiente de parentesco, foi caracterizado pela inclusão de registros de 1.131 touros e de 14.054 vacas. A matriz de coeficiente de parentesco foi composta de 45.095 animais para o ajuste dos modelos animais.

O modelo matemático completo pode ser simplificado:

$$y_{ij} = G_i + \sum_{n=1}^2 b_n x_{ij}^n + b_3 z_{ij} + a_{ij} + m_{ij} + pm_{ij} + e_{ij}$$

em que:  $y_{ij}$  = valor observado no peso do animal  $j$ , pertencente ao grupo de contemporâneos  $i$ ;  $G_i$  = efeito do grupo de contemporâneos  $i$ , formado pela combinação de rebanho-ano-mês de nascimento e sexo;  $b_1$  e  $b_2$  = coeficientes de regressão linear e quadrático, respectivamente, do peso do animal em função da idade da vaca ao parto;  $x_{ij}^n$  = idade da vaca ao parto, em meses;  $b_3$  = coeficiente de regressão linear do peso do animal em função da idade do animal;  $z_{ij}$  = idade do animal, em dias;  $a_{ij}$  = efeito genético aditivo direto do animal  $j$  pertencente ao grupo de contemporâneos  $i$ ;  $m_{ij}$  = efeito genético aditivo materno do animal  $j$  no grupo de contemporâneos  $i$ ;  $pm_{ij}$  = efeito de ambiente

permanente materno do animal  $j$  no grupo de contemporâneos  $i$ ;  $e_{ij}$  = efeito residual.

Nas análises, foram empregados quatro modelos unicaracterísticos: no modelo 1, foram considerados os efeitos genético aditivo direto do animal, genético aditivo materno, de ambiente permanente materno e residual; no modelo 2, eliminou-se o efeito genético aditivo materno; no modelo 3, excluiu-se o efeito de ambiente permanente materno; e, no modelo 4, excluíram-se os efeitos genético aditivo materno e de ambiente permanente materno.

Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o programa DFUNI (Meyer, 1998), com base na metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML), que utiliza um algoritmo livre de derivadas ajustado para um modelo animal.

Utilizou-se o teste de razão de verossimilhança (LRT) para verificar a diferença entre os logaritmos das funções de verossimilhança restrita obtidos nos modelos, tornando possível testar a significância da inclusão dos efeitos aleatórios e identificar o modelo que melhor se ajustou aos dados com o menor número de parâmetros. A diferença entre os valores de  $-2 \log_e L$  dos modelos fornece informação se os modelos diferem significativamente entre si. O teste baseia-se na distribuição de qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com  $g$

graus de liberdade e probabilidade de erro de 5%, em que  $g$  é a diferença em números de parâmetros estimados nos modelos comparados (Dobson, 1990).

## Resultados e Discussão

O número de observações nas classes de idade, as médias de idade e de peso, o desvio-padrão, o coeficiente de variação de pesos e os números de animais considerados no estudo são apresentados na Tabela 1. A diferença entre os números de animais utilizados nas análises dos pesos nas respectivas idades foi ocasionada pelas restrições impostas na edição dos dados, particularmente quanto ao número de informações em grupo de contemporâneos.

Conforme demonstrado na Tabela 1, houve aumento nas médias dos pesos entre as classes de idade, mais acentuado entre as classes 1 e 2 e 2 e 3, respectivamente. As médias de pesos variaram de 62,50 kg (classe 1) a 273,66 (classe de idade 7).

Os desvios-padrão aumentaram com a idade. Os coeficientes de variação (CV) elevaram no período antecedente à pré-desmama; depois, os CV apresentaram valores menores nas classes de idade 3 e 4, voltando a aumentar até o final.

Tabela 1 - Número de observações (N), média das idades (MI), médias (MP), desvios-padrão (DP) e coeficientes de variação (CV) dos pesos e número de filhos por mãe (NF/M) nas respectivas classes de idade

Table 1 - Number of observations (N), average for age (AA), average (AW) and respective standard deviation (SD) and coefficient of variation (CV) for weight and number of progeny per dam (NA/D) by age class

Classe de idade Age class	N	MI AA	MP (kg) AW	DP(kg) SD	CV (%)	NF/M NA/D
(1-90) = 1	19.834	50	62,50	19,13	30,60	1,69
(91-180) = 2	20.741	133	111,60	29,68	26,59	1,72
(81-270) = 3	19.466	223	161,33	38,60	23,92	1,69
(271-360) = 4	14.663	312	187,25	45,40	24,25	1,55
(361-450) = 5	11.574	403	211,98	58,11	27,41	1,50
(451-540) = 6	9.886	493	243,41	65,46	26,88	1,45
(541-630) = 7	7.937	583	273,66	72,77	26,59	1,38

Tabela 2 - Número de fêmeas e porcentagem (%) de fêmeas em relação ao número de partos nas respectivas classes de idade

Table 2 - Number of females and percentage (%) of females in each calving, by age class

Classe de idade Age class	Nº de fêmeas N. of females	% de fêmeas % of females				
		1 parto 1 <sup>st</sup> calving	2 partos 2 <sup>nd</sup> calving	3 partos 3 <sup>rd</sup> calving	4 partos 4 <sup>th</sup> calving	≥ 5 partos ≥ 5 calving
1	11.719	57,50	25,72	10,24	4,17	2,38
2	12.037	56,31	25,61	10,98	4,68	2,42
3	11.474	56,91	26,11	10,39	4,43	2,15
4	9.442	63,00	24,39	8,56	2,85	1,20
5	7.725	66,19	22,54	7,75	2,60	0,92
6	6.835	69,28	20,91	6,60	2,46	0,76
7	5.733	72,09	19,88	5,95	1,74	0,33

Informações sobre os valores de  $-2 \log_e L$ , de acordo com o modelo utilizado na análise, e o resultado do teste de LRT, para as respectivas classes de idade, são apresentados na Tabela 3. O teste da razão de verossimilhança indicou diferenças significativas ( $P < 0,05$ ) para quase todas as classes de idade quando os modelos 1 e 2 foram comparados ao modelo 4, exceto na classe de idade 7, em que os modelos 2 e 4 não diferiram significativamente. Os modelos 1 e 2 não diferiram significativamente em quase todas as classes de idade, à exceção da classe de idade 7, que apresentou o menor número de observações, o menor número de filhos por mãe e, ainda, 72% das mães com somente um parto (Tabelas 1 e 2). Diante disso, a decomposição do componente materno em genético e de ambiente permanente não melhorou o ajuste para esse conjunto de dados. Cyrillo (2003), trabalhando com pesos de bovinos da raça Nelore em idades subseqüentes, também não encontrou diferenças significativas ( $P < 0,05$ ) para os valores de  $-2 \log_e L$  quando os modelos 1 e 2 foram comparados entre si, com exceção do conjunto de pesos aos três meses de idade, que apresentou o menor número de observações e a menor proporção filhos/mãe.

Também Pelicioni et al. (2003), ao estudarem os pesos do nascimento aos 450 dias de idade em animais da raça Guzerá, não encontraram diferenças significativas entre os modelos nos quais foram considerados os efeitos maternos em conjunto, ou decompostos (genético e de ambiente). Esses autores mencionaram a dificuldade de separar efeitos genético direto e materno e de ambiente materno.

Na Tabela 3, os modelos 1 e 3 diferiram significativamente ( $P < 0,05$ ) em todas as classes de idade, com exceção das classes 6 e 7, que apresentam os menores números de observações (Tabela 1). Os modelos 3 e 4 diferiram significativamente ( $P < 0,05$ ) em todas as classes de idade (Tabela 3). Os resultados apresentados na Tabela 3 demonstram que, para a maioria das classes de idade estudadas deste conjunto de dados, o modelo 2, no qual os efeitos maternos foram considerados somente à parte do efeito de ambiente materno, ajustou-se tão bem aos dados como o modelo completo 1.

Nas análises realizadas por Cyrillo (2003), também foram encontrados resultados similares e, para a maioria dos conjuntos de dados, o modelo intermediário 2 apresentou a mesma eficácia de ajuste do modelo completo 1. De acordo com Meyer (1992), no estudo de modelo para análise, considerar um dos efeitos maternos (genético e de ambiente permanente materno) pode ser suficiente para ajustar a variação causada por esses efeitos.

Neste conjunto de dados, a magnitude do teste da razão de verossimilhança constitui indicativo de que os modelos

Tabela 3 - Valores de  $-2 \log_e L$ , de acordo com os modelos, e teste de LRT para as respectivas classes de idade

Table 3 - Values of $-2 \log_e L$ and LRT for models 1-3, by age class			
Classe de idade*	Modelo 1*	Modelo 2*	Modelo 4*
Age class	Model 1	Model 2	Model 4
1	-50241,57 <sup>A</sup>	-50243,48 <sup>A</sup>	-50280,22 <sup>B</sup>
2	-61963,78 <sup>A</sup>	-61964,21 <sup>A</sup>	-62013,99 <sup>B</sup>
3	-63652,89 <sup>A</sup>	-63653,46 <sup>A</sup>	-63718,72 <sup>B</sup>
4	-50853,71 <sup>A</sup>	-50856,38 <sup>A</sup>	-50878,49 <sup>B</sup>
5	-42083,34 <sup>A</sup>	-42083,96 <sup>A</sup>	-42099,86 <sup>B</sup>
6	-36657,82 <sup>A</sup>	-36658,96 <sup>A</sup>	-36664,66 <sup>B</sup>
7	-29922,92 <sup>A</sup>	-29929,06 <sup>B</sup>	-29931,63 <sup>B</sup>

Classe de idade*	Modelo 1*	Modelo 3*	Modelo 4*
Age class	Model 1	Model 3	Model 4
1	-50241,57 <sup>A</sup>	-50256,58 <sup>B</sup>	-50280,22 <sup>C</sup>
2	-61963,78 <sup>A</sup>	-61985,35 <sup>B</sup>	-62013,99 <sup>C</sup>
3	-63652,89 <sup>A</sup>	-63681,72 <sup>B</sup>	-63718,72 <sup>C</sup>
4	-50853,71 <sup>A</sup>	-50857,86 <sup>B</sup>	-50878,49 <sup>C</sup>
5	-42083,34 <sup>A</sup>	-42088,21 <sup>B</sup>	-42099,86 <sup>C</sup>
6	-36657,82 <sup>A</sup>	-36658,63 <sup>A</sup>	-36664,66 <sup>B</sup>
7	-29922,92 <sup>A</sup>	-29922,92 <sup>A</sup>	-29931,63 <sup>B</sup>

\* Valores de  $-2 \log_e L$  seguidos de letras iguais, na mesma linha, não diferem ( $P < 0,05$ ) pelo teste LRT.

\* Values of  $-2 \log_e L$  followed by the same letters, in the same row, did not differ ( $P < 0,05$ ) by LRT test.

1 e 2 podem se considerados equivalentes quanto aos valores estimados para os vários componentes da variância.

As informações sobre as estimativas das variâncias genética direta e materna, de ambiente permanente materno e as variâncias fenotípica e residual, de acordo com os modelos nas diferentes classes de idade, são ilustradas nas Figuras 1, 2, 3 e 4.

As variâncias fenotípicas nos diferentes modelos se apresentaram com valores menores na primeira classe de idade, em torno de 97,6 kg<sup>2</sup>. Posteriormente, verificou-se aumento dos valores de variância fenotípica com o avanço da idade, chegando a valores maiores, em torno de 1.700,0 kg<sup>2</sup> na última pesagem, que corresponde à média de 19 meses de idade. O modelo 4, quando comparado aos modelos 1, 2 e 3, apresentou estimativas de variância fenotípica um pouco maiores que as obtidas pelos demais modelos, com valores de variância fenotípica variando de 99,4 (classe de idade 1) a 1.708,03 kg<sup>2</sup> (19 meses) (Figuras 1 e 2).

Os valores de variância residual, em todos os modelos, foram altos em relação à variação total. Os modelos 1 e 2 apresentaram valores de variância residual, no decorrer das diferentes classes de idade, muito semelhantes. Os valores de variância residual no modelo 3 foram maiores em praticamente todas as classes de idade, quando comparados aos modelos 1 e 2, exceto na classe 7, na qual o valor foi muito próximo ao do modelo 1. Pelo modelo 4, no entanto, os valores de variância residual foram maiores em todas as classes de idade, quando comparados aos dos modelos 1 e 2.

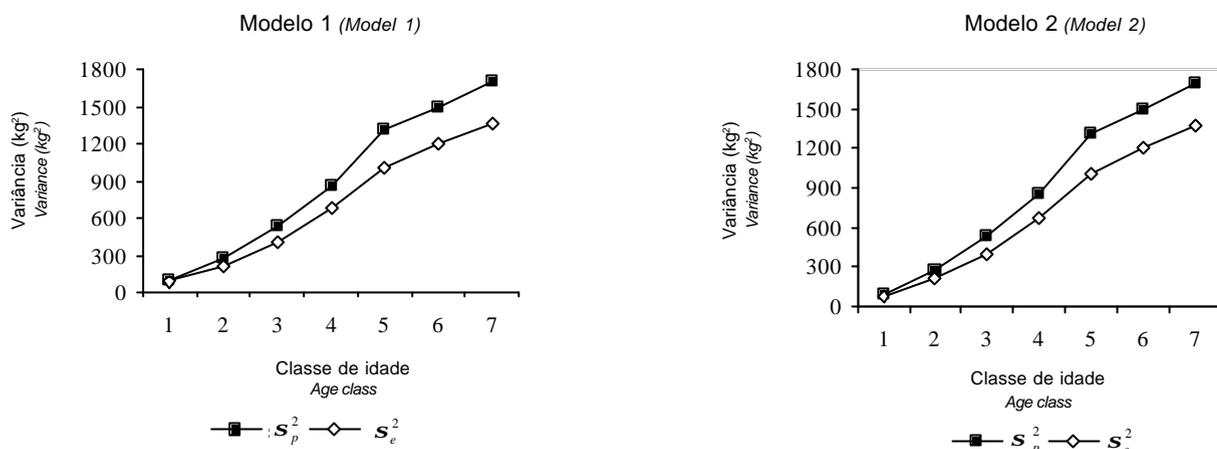


Figura 1 - Estimativas de variância fenotípicas ( $s_p^2$ ) e residuais ( $s_e^2$ ) para os modelos 1 e 2, nas respectivas classes de idade.  
 Figure 1 - Estimates of phenotypic ( $s_p^2$ ) and residual ( $s_e^2$ ) variances for models 1 and 2, by age class.

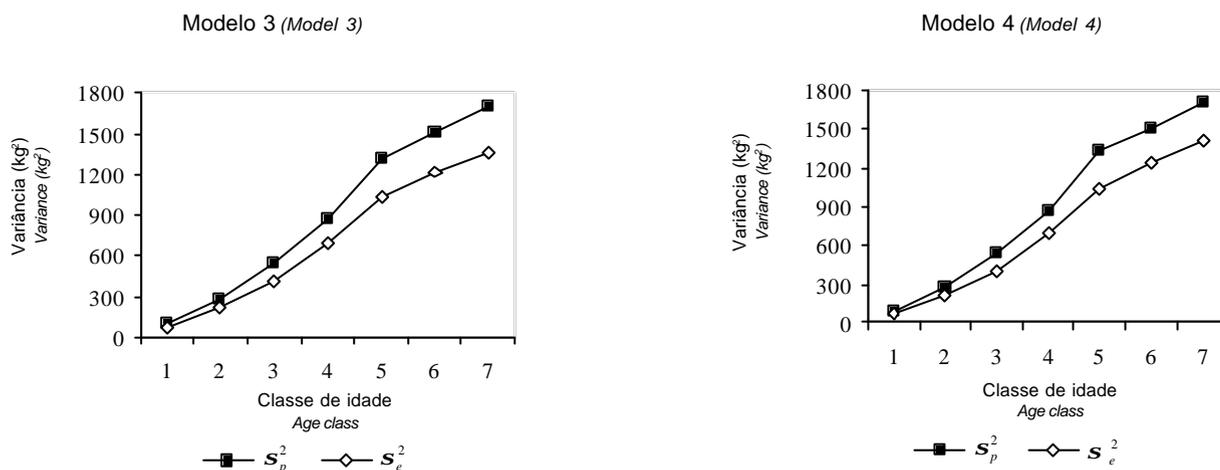


Figura 2 - Estimativas de variância fenotípicas ( $s_p^2$ ) e residuais ( $s_e^2$ ) para os modelos 3 e 4, nas respectivas classes de idade.  
 Figure 2 - Estimates of phenotypic ( $s_p^2$ ) and residual ( $s_e^2$ ) variances for models 3 and 4, by age class.

Como no modelo 4 não foram considerados os efeitos maternos e foi observada a importância desses efeitos no decorrer das classes de idade, parte da variação ocasionada pelos efeitos maternos migrou para a variação residual, ocasionando maiores valores de variância residual.

As estimativas de variância genética aditiva direta, para as diferentes classes de idade de pesagens, aumentaram da primeira até a última idade em todos os modelos, de modo que, no modelo 4, observou-se aumento bem mais acentuado para os valores de variância genética aditiva direta desde a primeira idade (Figuras 3 e 4).

Esse resultado observado no modelo 4 demonstra que a não-inclusão dos efeitos maternos aleatórios (genéticos e de ambiente permanente) causa superestimação da variância genética aditiva direta, pois engloba toda a variação encontrada, com exceção do resíduo (Marques et al., 1999).

Os valores das estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas observados nos modelos 1 e 2 foram muito semelhantes.

As estimativas de variância genética materna obtidas no modelo 1 se apresentaram de forma crescente no decorrer das idades, partindo de 1,65 na primeira idade, chegando a 103,55 na classe de idade 7 (19 meses), sendo que, na maioria das classes de idade, foram de baixa magnitude.

Resultados semelhantes foram encontrados por Cyrillo (2003), que, ao trabalhar com o modelo 1, também obteve estimativas de variância genética materna com valores baixos e crescentes com o avançar da idade. Ao comparar os modelos 1 e 3, constatou-se incremento nos valores da variância aditiva materna quando o efeito ambiente permanente foi excluído do modelo de análise e, conseqüentemente, as estimativas de herdabilidade materna aumentaram bastante em sua magnitude.

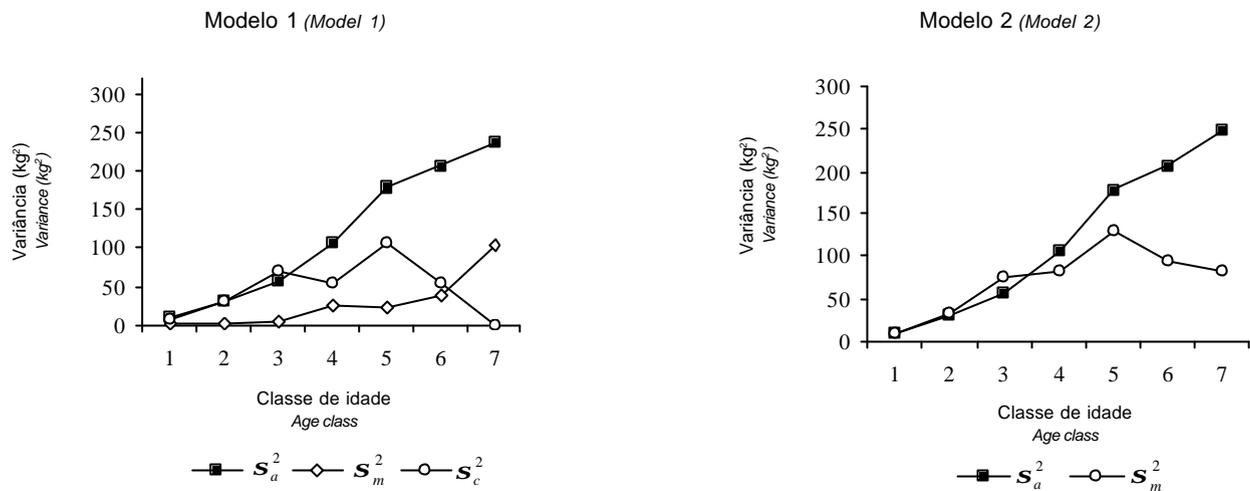


Figura 3 - Estimativas de variâncias genéticas aditivas direta ( $s_a^2$ ), materna ( $s_m^2$ ) e de ambiente permanente materno ( $s_c^2$ ) para os modelos 1 e 2, nas respectivas classes de idade.

Figure 3 - Estimates of direct additive genetic ( $s_a^2$ ), maternal genetic ( $s_m^2$ ) and maternal permanent environmental ( $s_c^2$ ) variances for models 1 and 2, by age class.

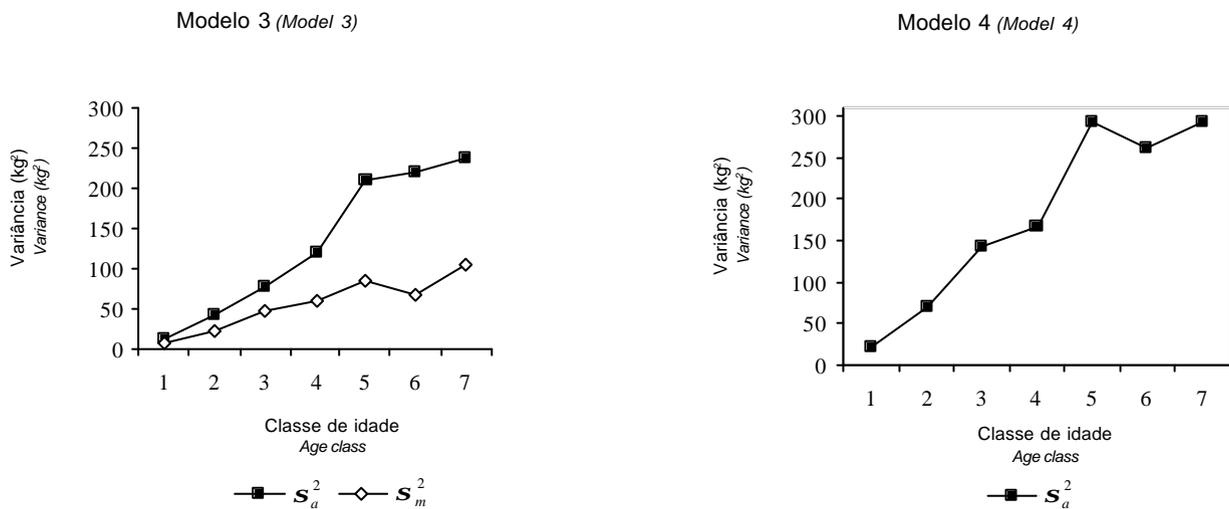


Figura 4 - Estimativas de variância genéticas aditivas direta ( $s_a^2$ ) e materna ( $s_m^2$ ) para os modelos 3 e 4, nas respectivas classes de idade.

Figure 4 - Estimates of direct additive genetic ( $s_a^2$ ) and maternal genetic ( $s_m^2$ ) variances for models 3 and 4, by age class.

Os valores das estimativas de variância para ambiente permanente materno nos modelos 1 e 2 tiveram magnitudes consideráveis, mas, durante quase todo o período de crescimento, se apresentaram com valores inferiores aos das estimativas de variância genética aditiva direta, com exceção das classes de idade 2 e 1, em que as estimativas de variâncias de ambiente permanente materno e genética aditiva direta foram muito próximas e, na idade 3, cujos valores de variância de ambiente permanente materno foram maiores que a variância genética aditiva direta nos dois modelos. Esses resultados são semelhantes aos observados por Albuquerque & Meyer (2001), que encontraram efeitos de ambiente permanente materno com magnitudes

consideráveis. Entretanto, foram inferiores aos valores de variância genética aditiva direta em quase todo o período de crescimento, com exceção dos pesos aos 150 e aos 250 dias de idade, que foram semelhantes.

As informações das herdabilidades direta e materna e a variância de ambiente permanente materno, como proporção da variância fenotípica de acordo com os modelos nas diferentes classes de idade, são apresentadas na Tabela 4.

As estimativas de variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica, nos modelos 1 e 2, foram crescentes até a classe de idade 3 (7,6 meses idade), demonstrando a importância da contribuição da variância para ambiente permanente materno como propor-

ção da variância fenotípica para variância fenotípica total até a desmama. Após a desmama, os valores de variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica foram diminuindo aos poucos até a classe de idade 7 (Tabela 4). Esse comportamento das estimativas de variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica foi semelhante ao encontrado por Albuquerque & Meyer (2001), que constataram que os valores de variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica aumentaram do nascimento até os 150 dias, permanecendo constante até 240 dias e decrescendo após essa idade. Cyrillo (2003) também observou que as estimativas de variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica foram crescentes até o desmame (7-8 meses). Logo após essa idade, a variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica diminuiu, porém continuou mantendo a importância do ambiente permanente materno.

Os modelos 1 e 2 apresentaram estimativas de herdabilidades aditivas diretas idênticas em todas as classes, com exceção da classe de idade 7, para a qual o valor de herdabilidade aditiva direta foi levemente superior no modelo 2 (Tabela 4). As pequenas diferenças nos modelos 1 e 2 demonstraram que o efeito de ambiente materno incorporou harmoniosamente os efeitos genéticos maternos, sem superestimar a variância genética aditiva direta. Esses resultados são similares aos encontrados por Cyrillo (2003).

As estimativas de herdabilidade aditiva direta encontradas nos modelos 1 e 2 apresentaram valor mínimo de 0,10 (idade 1) até o valor máximo de 0,15 (idade 7) no modelo 2 (Tabela 4).

Na classe de idade 3, que é a pesagem mais próxima dos 205 dias, os modelos estudados apresentaram valores de herdabilidade aditiva direta que variaram de 0,11 a 0,26. Estes valores de herdabilidade estão dentro do intervalo mencionado por Mercadante et al. (1995), de 0,05 a 0,58 para peso aos 205 dias, em um trabalho de revisão para as características de crescimento na espécie zebuína. A classe de idade 4, que representa a pesagem mais próxima dos 365 dias de idade, teve valores de herdabilidade direta de 0,12 (modelos 1 e 2) e 0,14 e 0,19 (modelos 3 e 4, respectivamente). As estimativas de herdabilidade aditiva direta obtidas estão no intervalo dos valores relatados por Ferreira (1985) e Mercadante et al. (1995), que variaram de 0,12 a 0,93. Foram encontrados, para a classe de idade 6, que está relativamente perto dos 550 dias de idade, valores de herdabilidade aditiva direta de 0,14 (modelos 1 e 2) e 0,15 e 0,17 (modelos 3 e 4, respectivamente). Esses valores de herdabilidade aditiva direta estão coerentes com os citados na literatura (Pádua & Silva 1994; Eler et al., 1995; Reyes et al., 1997; Garner et al., 2001), que variaram de 0,13 a 0,31. Os maiores valores de herdabilidades aditivas diretas em todas as classes de idade foram encontrados no modelo 4, indicando superestimação da variância genética aditiva (Tabela 4).

Tabela 4 - Estimativas de herdabilidade direta ( $h^2$ ) e materna ( $h^2m$ ), erro-padrão (EP) e porção da variância fenotípica para a variância de ambiente permanente materno ( $c^2$ )

Table 4 - Estimates of direct genetic heritability ( $h^2$ ) and respective standard errors (SE), maternal genetic heritability ( $h^2m$ ) and maternal permanent environmental variance ( $c^2$ ) as a proportion of phenotypic variance

Classe de idade Age class	1	2	3	4	5	6	7
$h^2$							
Modelo 1 (Model 1)	0,10	0,11	0,11	0,12	0,13	0,14	0,14
Modelo 2 (Model 2)	0,10	0,11	0,11	0,12	0,13	0,14	0,15
Modelo 3 (Model 3)	0,14	0,15	0,15	0,14	0,16	0,15	0,14
Modelo 4 (Model 4)	0,22	0,24	0,26	0,19	0,22	0,17	0,17
EP (SE)							
Modelo 1 (Model 1)	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,00
Modelo 2 (Model 2)	0,01	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02
Modelo 3 (Model 3)	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02
Modelo 4 (Model 4)	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,03
$c^2$							
Modelo 1 (Model 1)	0,09	0,11	0,13	0,06	0,08	0,03	0,00001
Modelo 2 (Model 2)	0,11	0,12	0,14	0,10	0,10	0,06	0,05
$h^2m$							
Modelo 1 (Model 1)	0,02	0,01	0,01	0,03	0,02	0,02	0,06
Modelo 3 (Model 3)	0,06	0,07	0,09	0,07	0,06	0,04	0,06

Os valores de herdabilidade materna no modelo 1 foram baixos em quase todas as classes de idade, de 0,02 para classe de idade 1 e de 0,06 para a idade 7 (valor máximo). Como no modelo 3 houve incremento da variância genética materna, ocasionado pela exclusão dos efeitos de ambiente materno, as estimativas de herdabilidade materna apresentaram valores maiores que no modelo 1 (Tabela 4). Essa diferença nas estimativas, para herdabilidade materna, que também foi observada nos trabalhos de Meyer (1992, 1994) e Robinson (1996), pode ser explicada pelo fato de o método não diferenciar apropriadamente a influência de cada um dos componentes maternos com origem na mesma fonte de variação.

### Conclusões

O modelo 2, que, dos efeitos maternos, considerou apenas o efeito de ambiente permanente, foi equivalente ao modelo completo e suficiente para ajustar a variação dos efeitos maternos estudados.

As estimativas de herdabilidade direta nos modelos completo e no modelo 2 cresceram da 1ª para a 2ª classe de idade, mantiveram os mesmos valores até o desmame e, depois, cresceram. As estimativas de herdabilidade materna foram baixas.

### Literatura Citada

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU-ABCZ. A raça Guzerá. **Revista ABCZ** - Ano 2 - Nº9 - 2002. - Brasil 2002. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/htm>> 2002. Acesso em: 16/05/2004.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU-ABCZ. **Estatística de Registro Genealógico de Nascimento (RGN) da Raças Zebuínas - Brasil 2004**. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/tecnic/reggen/estatistica.htm>> Acesso em: 16/05/2004.
- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.118, p.83-92, 2001.
- CYRILLO, J.N. **Estimativas de funções de covariância para crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2003. 72p. Dissertação (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, 2003.
- DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.
- ELER, J.P.; van VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S. et al. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3253 - 3258, 1995.
- FERREIRA, P.R.C. **Estudo de pesos a diferentes idades e características reprodutivas de um rebanho de animais Chianina, Nelore e seus mestiços em Goiás**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1985. 148p. Dissertação (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1985.
- GARNERO, A.D.V.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; OLIVEIRA, H.N. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.714-718, 2001.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theories. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-244, 1986.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, p.226-252, 1953.
- HENDERSON, C.R.; QUAAS, R.L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v.43, p.1188-1197, 1976.
- KEELE, J.W.; LONG, T.E.; JOHNSON, R.K. Comparison of methods of estimating variance components in pigs. **Journal of Animal Science**, v.69, p.1428-1434, 1991.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N. et al. Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.51, n.4, p.363-370, 1999.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; BORJAS, A. de los R. Parâmetros genéticos para características de crescimento em zebuínas de carne. **Archivo Latinoamericano de Producción Animal**, v.3, n.1, p.45-89, 1995.
- MEYER, K. Estimation of genetic parameters. In: REVIEWES ON MOLECULAR AND QUANTITATIVE GENETIC APPROACHES IN HONOR OF ALAN ROBERTSON, 1989, Wallingford. **Proceedings...** Wallingford: Evolution and Animal Breeding, CAB International, 1989. p.159-167.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179-204, 1992.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal correlations among growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.38, p.91-105, 1994.
- MEYER, K. **Livestock Production Science DFUNI - Univariate analyses using derivative-free algorithm only**. DFREML -Version 3.0  $\beta$ . User' notes. Armidale: University of New England, 1998. 29p.
- PÁDUA, J.T.; SILVA, R.G. Avaliação genética do desempenho de bovinos mestiços Chianina x Nelore. 1. Fatores envolvidos e estimação de parâmetros genéticos. **ARS Veterinária**, v.10, n.1, p.15-25, 1994.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrics**, v.58, p.545-554, 1971.
- PELICIONI, L.C.; QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de parâmetros genéticos para pesos ao nascer e mensais até 450 dias em bovinos Guzerá. **Archivo Latinoamericano de Producción Animal**, v.11, n.1, p.34-39, 2003.
- REYES, A.B.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Variabilidade genética de característica de crescimento alternativas para seleção em gado de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1997. p.245-247.
- ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**, v.45, p.1-11, 1996.
- SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. **Journal of Animal Science**, v.59, p.1213-1223, 1984.
- Van der WERF, J.H.J.; DE BOER, I.J.M. Estimation of additive genetic variance when base populations are selected. **Journal of Animal Science**, v.68, p.3124 -3132, 1990.

Recebido: 20/09/04

Aprovado: 05/05/06