

# Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória sobre o crescimento de caprinos Anglo-Nubianos

José Ernandes Rufino de Sousa<sup>(1)</sup>, Martinho de Almeida e Silva<sup>(2)</sup>, José Lindenberg Rocha Sarmento<sup>(1)</sup>, Wandrick Hauus de Sousa<sup>(3)</sup>, Maria do Socorro Medeiros de Souza<sup>(1)</sup> e Angela Beatriz Fridrich<sup>(4)</sup>

<sup>(1)</sup>Universidade Federal do Piauí, BR 135, Km 3, Bairro Planalto Horizonte Cibrazem, CEP 64900-000 Bom Jesus, PI. E-mail: ernandes@ufpi.br, sarmento@ufpi.br, socorro\_30@yahoo.com.br <sup>(2)</sup>Universidade Federal de Minas Gerais, Departamento de Zootecnia, Caixa Postal 567, CEP 30123-970 Belo Horizonte, MG. E-mail: martinho@vet.ufmg.br <sup>(3)</sup>Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba, Rua Eurípedes Tavares, nº 210, Bairro Tambiá, CEP 58013-290 João Pessoa, PB. E-mail: wandrick@emepa.org.br <sup>(4)</sup>Fundação de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Avenida da Universidade, nº 850, Bairro Betânia, CEP 62040-370 Sobral, CE. E-mail: angela.fridrich@gmail.com

**Resumo** – O objetivo deste trabalho foi comparar modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variâncias residuais, na estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos de características de crescimento de caprinos. A função de regressão por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordem quatro foi usada para modelar a trajetória média de crescimento animal, e de ordem três, para modelar os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente. Diferentes estruturas de variâncias residuais foram consideradas, por meio de classes de uma a sete variâncias residuais, e funções de variâncias com uso dos polinômios ordinários e de Legendre, com ordens que variaram de linear até a do quarto grau. Os modelos foram comparados pelo teste de razão de verossimilhança, o critério de informação de Akaike e o critério bayesiano de Schwarz. Os modelos com funções de variâncias residuais foram superiores aos de classes de variância. O polinômio ordinário de terceira ordem apresentou melhores resultados. Os parâmetros genéticos são influenciados pelo ajuste da variância residual, no entanto, os estimados pelos modelos que consideraram classes de variância, polinômio ordinário e polinômio de Legendre, de terceira ordem, são semelhantes.

Termos para indexação: função de covariância, parâmetro genético, polinômio de Legendre, polinômio ordinário.

## Homogeneity and heterogeneity of residual variance in random regression models on growth trajectory of Nubian goats

**Abstract** – The objective of this work was to compare random regression models with different structures of residual variances, in the estimate of covariance components and genetic parameters for growth traits in goats. Regression functions using Legendre orthogonal polynomials of the fourth order were used for modeling animal growth trajectory, and polynomial of third order for modeling direct and maternal additive genetic effects, and permanent environmental effect. Different residual variance structures were considered using alternatively step functions (from one to seven different classes of residual variances) or variance functions using ordinary and Legendre polynomials, with orders of fit from the first to fourth order. Models were compared by likelihood ratio test, Akaike's information criterion and Schwarz's bayesian criterion. Models including residual variance functions showed better results than those including classes of variance. The ordinary polynomial of third order showed better results than the other models. Genetic parameters are affected by different residual variance structures in the models, however, genetic parameters estimates using four classes of residual variance, ordinary polynomial and Legendre polynomial of third order are similar.

Index terms: covariance function, genetic parameter, Legendre polynomial, ordinary polynomial.

### Introdução

A utilização de metodologias que possam estimar os parâmetros genéticos dos animais, de forma mais acurada, pode contribuir para o aumento dos ganhos genéticos obtidos com a seleção. Nesse contexto, os

modelos de regressão aleatória têm sido reconhecidos como mais apropriados para a análise de dados longitudinais na área de melhoramento genético.

Esses modelos permitem a análise de registros repetidos de características que mudam gradualmente ao longo do tempo e não requerem pressuposições quanto à

constância das variâncias e correlações (Meyer, 2000). Eles têm sido utilizados, no melhoramento animal, para modelar registros diários de produção de leite durante a lactação (El Faro & Albuquerque, 2003; Breda et al., 2006), para modelar o crescimento corporal de animais (Sakaguti et al., 2003; Fischer et al., 2004; Sarmiento et al., 2006), assim como em estudos de normas de reação, que avaliam a sensibilidade do genótipo às variações de ambiente (Meyer & Hill, 1997; Kolmodin et al., 2002).

Os primeiros estudos que utilizavam os modelos de regressão aleatória (Jamrozik & Schaeffer, 1997) consideravam a estrutura homogênea de variâncias para o resíduo que, aliada a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, superestimavam as variâncias genéticas aditivas. A modelagem, ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. Entretanto, pode proporcionar aumento no número de parâmetros a serem estimados, o que dificulta a convergência na estimação dos componentes de variância. Modelos mais parcimoniosos têm sido propostos, com estruturas de variâncias residuais distintas e número reduzido de classes de variâncias, advindas do agrupamento de classes que contêm variações semelhantes ou por meio de funções de variâncias residuais, com polinômios ortogonais de Legendre ou polinômios ordinários (Lewis & Brotherstone, 2002; El Faro & Albuquerque, 2003; Fujii & Suzuki, 2006).

O presente estudo teve como objetivo comparar modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variâncias residuais, bem como avaliar a influência da homogeneidade e heterogeneidade da variância residual na estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos, de características de crescimento de caprinos Anglo-Nubianos.

### Material e Métodos

Foram utilizados registros de produção de caprinos no período de 1980 a 2005, da Fazenda Experimental Pendência, da Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (Emepa). A Fazenda situa-se no Município de Soledade, região dos Cariris Velhos Paraibanos, a 546 m de altitude e 210 km de distância de João Pessoa. A média de temperatura máxima

anual é 35°C e a mínima é de 22°C, com pequenas variações. A umidade relativa do ar média é de 50% e a pluviosidade média é de 390 mm por ano, com variação entre 105 e 705 mm por ano.

Os animais foram criados em sistema semi-intensivo, em piquetes de pastagem nativa e nativa melhorada. No período de escassez, os animais receberam, no cocho, suplementação alimentar à base de silagem de milho (*Zea mays* L.) e sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench), feno de maniçoba (*Manihot glaziovii* Mull), palma forrageira (*Opuntia ficus* sp.), e ração concentrada com 14 a 16% de proteína. A suplementação mineral foi praticamente constante, durante todo o ano.

O rebanho foi submetido a dois períodos de montas controladas, com duração de 40 a 60 dias, com início nos meses de março e novembro, com parições que se concentraram nos meses de fevereiro a abril e de agosto a setembro. As cabras em estro foram identificadas por intermédio de machos vasectomizados, e a monta foi controlada a intervalos de aproximadamente 12 horas, até a não aceitação do reprodutor pela cabra. Os reprodutores foram utilizados pelo máximo de três anos consecutivos, e as cabras por, no máximo, sete anos. Houve também descartes, em razão de insucesso na fertilidade ao parto, habilidade materna e por enfermidades.

Os animais foram separados da mãe ao nascimento, recebiam colostro três vezes ao dia e, a partir do 10º dia de vida, recebiam dieta sólida. Foram desaleitados no 70º dia de vida. Esse manejo foi adotado, principalmente, como forma preventiva da artrite-encefalite caprina (CAE).

Foram realizados 4.313 registros de peso, do nascimento ao 196º dia de idade, em pesagens intercaladas por períodos médios de 28 dias. Os pesos corporais de machos e fêmeas foram distribuídos em: seis classes de idade – nascimento, 28º e 56º dias, 84º e 112º dias, 140º dia, 168º dia, e 196º dia de idade; três tipos de nascimento – simples, duplos e triplos; duas estações de pesagens – chuvosa (de março a julho) e seca (de agosto a fevereiro). Foram, ainda, mantidos no arquivo grupos de contemporâneos (formados por ano e estação de pesagem e classe de idade) com, no mínimo, três observações.

As classes de idade foram incluídas nos grupos de contemporâneos, para diminuir a amplitude de idades dos animais comparados diretamente dentro de cada grupo. Essa decisão foi tomada com base na

constatação, em análises prévias, de amplitude elevada de idades, dentro dos grupos de contemporâneos, formados anteriormente sem as classes, o que refletiu diretamente na elevação, exacerbada, da variância fenotípica.

A regressão fixa para a trajetória média de crescimento dos animais e as regressões aleatórias genético-aditivas diretas, genético-aditivas maternas e de ambiente permanente foram modeladas por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordem três.

A generalização dos modelos com diferentes estruturas de variâncias residuais pode ser representada como:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{k_{\beta}-1} \beta_m \phi_m + \sum_{m=0}^{k_{\alpha}-1} \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=0}^{k_{\gamma}-1} \gamma_{im} \phi_m + \sum_{m=0}^{k_{\delta}-1} \delta_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij},$$

em que:  $y_{ij}$  é o peso  $j$  do cabrito  $i$ ;  $\phi_m$  é a função polinomial de Legendre  $m$ , da idade padronizada (-1 a +1);  $F_{ij}$  é um conjunto de efeitos fixos incluídos no modelo (grupo de contemporâneos, sexo e tipo de nascimento da cria e covariável linear da idade da cabra ao parto);  $\beta_m$  é o coeficiente de regressão fixo do peso sobre o polinômio de Legendre, com  $k_{\beta} = 3$  (função quadrática), para modelar a trajetória média da população;  $\alpha_{im}$ ,  $\gamma_{im}$  e  $\delta_{im}$  são os coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente de animal;  $k_{\alpha} = 3$ ,  $k_{\gamma} = 3$  e  $k_{\delta} = 3$  são as ordens dos polinômios a serem ajustados;  $\varepsilon_{ij}$  é o efeito aleatório residual.

Avaliou-se a modelagem da variância residual, considerada homogênea e heterogênea, por meio de diferentes estruturas. Inicialmente, considerouse a heterogeneidade de variâncias entre classes de idade (CLm, em que  $m$  representa o número de classes), agrupadas como: CL1, para homogênea; CL2, 1-112 e 140-196 dias; CL3, 1-56, 57-112 e 113-196 dias; CL4, 1-28, 29-56, 57-112 e 113-196 dias; CL5, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112 e 113-196 dias; CL6, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112, 113-140 e 141-196 dias; e CL7, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112, 113-140, 141-168 e 169-196 dias de idade.

Em seguida, as variâncias residuais foram estimadas por meio de funções de variâncias, ajustadas por polinômios ordinários (POM) e polinômios de Legendre (PLm), com ordens que variaram de dois a cinco, ou seja da linear à quártica, em que  $m$  representa a ordem da função de ajuste.

Quando foram utilizados os modelos com funções de variância, as variâncias residuais foram estimadas por meio dos coeficientes de regressão dessas funções, representadas por:

$$\sigma_j^2 = \sigma_0^2 \left( 1 + \sum_{r=1}^m \beta_r (a_{ij}^*)^r \right),$$

em que:  $\sigma_j^2$  corresponde à variância residual na idade  $j$ ;  $\sigma_0^2$ , à variância do intercepto;  $\beta$  são os coeficientes de regressão  $m$  da função de variâncias; e  $a_{ij}^*$  representa as idades de medições.

Em notação matricial, o modelo acima e suas respectivas pressuposições podem ser descritos como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \begin{aligned} \text{Var}(a) &= K_a \otimes A, \\ \text{Var}(c) &= K_c \otimes I_{Nd}, \\ \text{Var}(m) &= K_m \otimes A, \\ \text{Var}(e) &= R; \end{aligned}$$

em que:  $y$  é um vetor de  $N$  observações referentes a  $N_d$  animais;  $b$  é um vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes  $b_m$  da regressão fixa;  $a$  é um vetor  $k_a \times N_d$  de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que  $N_d$  denota o número total de animais na matriz de parentesco;  $c$  é um vetor  $k_c \times N_d$  de coeficientes de regressão aleatória ambiente permanente de animal;  $m$  é um vetor  $k_m \times N_d$  de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos;  $e$  é um vetor de erros aleatórios;  $X$ ,  $Z_1$ ,  $Z_2$  e  $Z_3$  referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto, ambiente permanente de animal e genético aditivo materno, respectivamente.  $K_a$ ,  $K_c$  e  $K_m$  são as matrizes de (co)variâncias, entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, ambiente permanente de animal e genético aditivo materno, respectivamente;  $A$  é a matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos;  $I_{Nd}$  é uma matriz identidade de dimensão  $N_d$ ;  $\otimes$  é o produto de Kronecker;  $R$  é uma matriz diagonal de variâncias residuais, com elementos que dependem da estrutura empregada. A covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno foi assumida como igual a zero.

Os componentes de variâncias e covariâncias, entre os coeficientes de regressão aleatórios, foram estimados pelo método da máxima verossimilhança

restrita (REML), com a opção DXMRR do pacote estatístico DFREML (Meyer, 1998), tendo-se utilizado um algoritmo livre de derivadas, para maximizar o log da função de verossimilhança.

Os diferentes modelos foram comparados, inicialmente, pela mudança no logaritmo da função de máxima verossimilhança (LogL), por meio do teste da razão de verossimilhança (TRV). A estatística TRV foi obtida pela seguinte expressão:  $TRV_{ij} = 2 \text{Log } L_i - 2 \text{Log } L_j$ , em que  $\text{Log } L_i$  é o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo  $i$ , e  $\text{Log } L_j$  é o máximo da função de verossimilhança para o modelo reduzido  $j$ . A estimativa TRV foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com  $d$  graus de liberdade e nível de significância de 1%, em que  $d$  é a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido. Foram usados, também, os critérios de informação de Akaike (AIC) e bayesiano de Schwarz (BIC), que permitem comparações entre modelos não aninhados e impõem penalidades, de acordo com o número de parâmetros estimados. Para AIC e BIC, o valor para comparação é obtido conforme a equação:

$AIC = -2\text{Log}L + 2p$  e  $BIC = -2\text{Log}L + p\text{Log}(N-r(X))$ , em que:  $p$  é o número de parâmetros estimados;  $N$  é o número total de observações; e  $r(X)$  é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo. Menores valores para AIC e BIC indicam melhor ajuste. Além dos testes citados, os parâmetros estimados, para cada modelo, foram comparados para avaliar mudanças, em função do ajuste da variância residual.

## Resultados e Discussão

O resumo das análises, quanto aos critérios utilizados para a comparação entre os diferentes modelos, está apresentado na Tabela 1. Ao se analisar inicialmente a modelagem do resíduo, por meio de classes de variância, observaram-se mudanças significativas ( $p < 0,01$ ) no Log L, à medida que aumentou o número de classes até quatro classes de variância residual (CL4). De acordo com todos os critérios utilizados para avaliar a qualidade de ajuste, o modelo que considerou homogeneidade de variância residual (CL1) foi o menos adequado.

A diferença obtida entre os modelos CL1 e CL2, pelo teste TRV, foi significativa ( $p < 0,01$ ), o que indica que o CL2 pode ser utilizado no ajuste da variância

residual. No entanto, ao se compararem os modelos que utilizaram classes de variâncias por meio dos critérios AIC e BIC, o melhor resultado, quanto ao ajuste da variância residual, foi observado com a utilização do modelo CL4.

De acordo com os valores de Log L, os modelos que usaram funções de variância residuais, por meio de polinômios, proporcionaram melhores ajustes com o aumento da ordem do polinômio. No entanto, diferenças significativas no TRV foram observadas apenas entre os modelos que consideraram funções linear e quadrática, o que indica que uma função quadrática seria suficiente no ajuste da variância residual, por meio dos polinômios de Legendre ou ordinário. Os critérios de AIC e BIC também indicaram uma função de variância quadrática (PL3 e PO3) como mais adequada no ajuste da variância residual. Entretanto, o ajuste por meio de polinômios ordinários apresentou menor dificuldade de convergência, do que os obtidos por meio dos polinômios de Legendre.

É importante destacar que, a partir da função de variâncias de quinta ordem, não houve convergência nem para os polinômios de Legendre nem para o ordinário, mesmo quando as análises foram reiniciadas com diversos valores para os parâmetros ou mesmo por meio de diferentes métodos de busca do máximo da função, com Simplex, Powell ou AI-REML. Relatos de dificuldades de convergência, com funções de variância, foram mencionados também por Lewis & Brotherstone (2002) e El Faro & Albuquerque (2003).

**Tabela 1.** Logaritmo da função de máxima verossimilhança (LogL), critério de informação de Akaike (AIC), critério bayesiano de Schwarz (BIC) e teste da razão de verossimilhança (TRV), para os diferentes modelos.

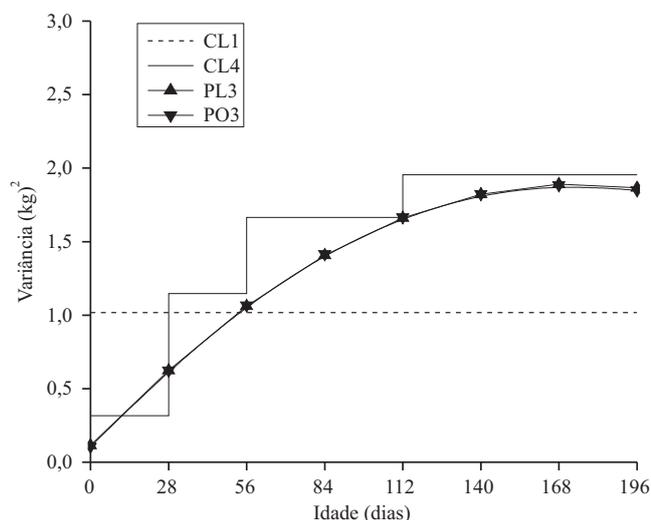
Modelo <sup>(1)</sup>	LogL	AIC	BIC	TRV
CL1	-3.691,2484	7.420,4968	7.541,5152	(CL2-CL1) = 414,06**
CL2	-3.484,2151	7.008,4302	7.135,8180	(CL3-CL2) = 28,07**
CL3	-3.470,1753	6.982,3507	7.116,1079	(CL4-CL3) = 174,57**
CL4	-3.382,8874	6.809,7749	6.949,9015	(CL5-CL4) = 0,42 <sup>ns</sup>
CL5	-3.382,6729	6.811,3459	6.957,8418	(CL6-CL5) = 4,33 <sup>ns</sup>
CL6	-3.380,5056	6.809,0112	6.961,8765	(CL7-CL6) = 0,08 <sup>ns</sup>
CL7	-3.380,4618	6.810,9237	6.970,1584	
PL2	-3.302,5347	6.645,0695	6.772,4573	(PL3-PL2) = 29,96**
PL3	-3.287,5545	6.617,1091	6.750,8663	(PL4-PL3) = 2,33 <sup>ns</sup>
PL4	-3.288,7213	6.621,4427	6.761,5692	(PL5-PL4) = 3,12 <sup>ns</sup>
PL5	-3.287,1580	6.620,3161	6.766,8121	
PO2	-3.302,5331	6.645,0662	6.772,4539	(PO3-PO2) = 30,04**
PO3	-3.287,5086	6.617,0173	6.750,7744	(PO4-PO3) = 1,73 <sup>ns</sup>
PO4	-3.286,6435	6.617,2870	6.757,4136	(PO5-PO4) = 1,47 <sup>ns</sup>
PO5	-3.285,9078	6.617,8157	6.764,3116	

<sup>(1)</sup>CL: classes de idade; PL: polinômios de Legendre; PO: polinômios ordinários.  
<sup>ns</sup>Não-significativo. \*\*Significativo a 1% de probabilidade.

As estimativas de variâncias residuais (Figura 1), no início do crescimento, foram baixas (entre 0,1 e 0,5) para todos os modelos, exceto para o CL1, que apresentou variância residual de 1,017. Lewis & Brotherstone (2002), Fisher et al. (2004) e Fujii & Suzuki (2006), ao ajustar as variâncias residuais por intermédio de diferentes estruturas, relataram resultados semelhantes.

Quando se admite homogeneidade de variância residual (Figura 1) na curva de crescimento, criam-se distorções consideráveis na partição da variância total; portanto, houve grandes diferenças nas variâncias residuais estimadas antes e após o 56º dia de idade, comparadas às estimativas obtidas quando se considerou a heterogeneidade de variâncias.

Ao analisar todos os modelos, com destaques para CL1, CL4, PL3 e PO3 (Figura 1), observa-se que ajustes por meio de funções de variância (PL3 e PO3) apresentaram melhores resultados, pois as variâncias residuais estimadas por essas funções apresentaram comportamento crescente até o 168º dia de idade, com tendência de redução a partir desta idade. O agrupamento das variâncias residuais em classes ou a utilização de funções de variâncias residuais pode viabilizar a adoção dos modelos de regressão aleatória, para conjuntos com grande volume de dados, bem como ser uma alternativa para minimizar os problemas de modelagem dos efeitos aleatórios.



**Figura 1.** Estimativas de variâncias residuais homogêneas (CL1) e heterogêneas, por meio de quatro classes (CL4) e funções de variâncias, com polinômios de Legendre e ordinário de ordem três (PL3 e PO3).

As variâncias genéticas direta e materna, de ambiente permanente e fenotípica (dividida por 2), para os modelos CL1, CL4, PL3 e PO3, são representadas na Figura 2. Todas as variâncias apresentaram tendências parecidas para esses modelos. No entanto, as variâncias genética aditiva direta e de ambiente permanente de animal foram mais influenciadas pelo ajuste da variância residual do que as atribuídas ao efeito genético materno. As variâncias de ambiente permanente de animal e fenotípica (Figura 2C e D) apresentaram comportamentos semelhantes para os quatro modelos. Pequenas diferenças podem ser observadas entre as variâncias de ambiente permanente, estimadas por meio dos modelos CL1 e CL4.

As estimativas de herdabilidade diretas (Figura 3 A), obtidas ao longo da curva de crescimento, diferiram em função da estrutura de variâncias residuais ajustada, particularmente no início da curva. Quando se admitiu a homogeneidade de variância residual, as herdabilidades foram menores do que as estimadas pelos demais modelos destacados (CL4, PL3 e PO3), em toda a trajetória de crescimento. Houve aumento considerável do início da curva até o 56º dia de idade e, a partir daí, houve ligeira redução até o final da curva. As herdabilidades obtidas no presente estudo, principalmente entre o 28º e o 140º dias de idade, foram maiores (0,2 a 0,5) do que as obtidas por Lewis & Brotherstone (2002) e Sarmento et al. (2006). O modelo PL3 forneceu maiores estimativas de herdabilidade direta que todos os demais.

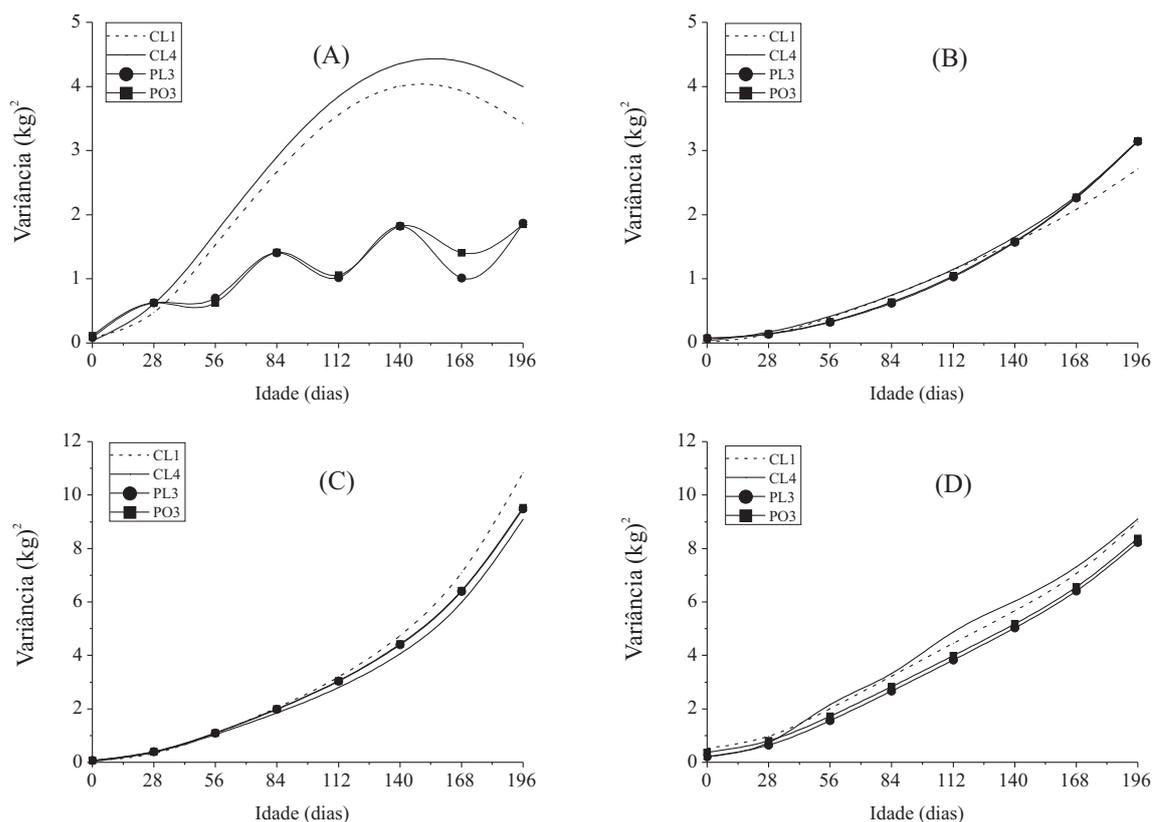
As estimativas de herdabilidade materna (Figura 3 B) apresentaram valores bastante diferentes, no início da curva de crescimento, em função do ajuste da variância residual. As estimativas obtidas pelos modelos CL1 aumentaram do nascimento até próximo ao 56º dia de idade e mantiveram-se constantes (0,15) a partir desse ponto até o final da curva. Quando se admitiu que a variância residual mudasse em função do tempo, as estimativas de herdabilidade materna mantiveram-se praticamente constantes (0,16) por toda a curva. O modelo PL3 foi o único que apresentou resultados que mais se aproximaram da maioria dos estudos analisados, pois, para este modelo, as estimativas de herdabilidade materna

decreceram do nascimento (0,19) até próximo ao 84º dia de idade (0,11) e, a partir desse ponto, mantiveram-se praticamente constantes até o 196º dia de idade (0,16).

Ao nascimento, esperava-se que a herdabilidade materna fosse maior e que, com a proximidade do final da curva de crescimento, tendesse para zero, principalmente quando se considera que os cabritos são separados das mães ao nascimento. No entanto, ao 196º dia de idade, momento em que não se esperava efeito materno mais pronunciado, observou-se forte efeito da mãe sobre o desempenho dos animais. Os resultados obtidos podem ser atribuídos ao menor número de observações, com a aproximação do final da curva, o que pode dificultar a partição da variância total nas proporções corretas, para cada efeito aleatório. Outra explicação plausível para esse comportamento seria a dificuldade de ajustes de registros de informações, nas extremidades das idades analisadas (Meyer, 1999).

Mesmo com a utilização de polinômios ortogonais, os coeficientes de regressão podem ser altamente correlacionados, a matriz de covariância entre eles pode não ser positiva definida e a estrutura de covariância, em geral, pode apresentar grandes mudanças nos extremos da trajetória de crescimento considerada. Esse comportamento representa um artefato do modelo polinomial e não uma tendência da covariância estruturada. As prováveis causas desses artefatos são: a falta de flexibilidade do modelo em ajustar adequadamente a curva de crescimento; o menor número de observações nos extremos do intervalo; ou propriedades gerais dos modelos de regressão, em que observações nos extremos têm importante efeito na estimação dos coeficientes de variância (Nobre et al., 2003; Arango et al., 2004).

O ambiente permanente do animal, expresso como proporção da variância fenotípica, diferiu entre todos os modelos destacados (Figura 3 C), principalmente do



**Figura 2.** Estimativas de componentes de variância genética aditiva direta (A), genética materna (B), ambiente permanente de animal (C) e fenotípica dividida por dois (D), para modelos de regressão aleatória, com uso de estrutura de variâncias residuais homogêneas (CL1) e heterogêneas, por meio de quatro classes (CL4), e funções de variâncias com polinômios de Legendre e polinômio ordinário de ordem três (PL3 e PO3).

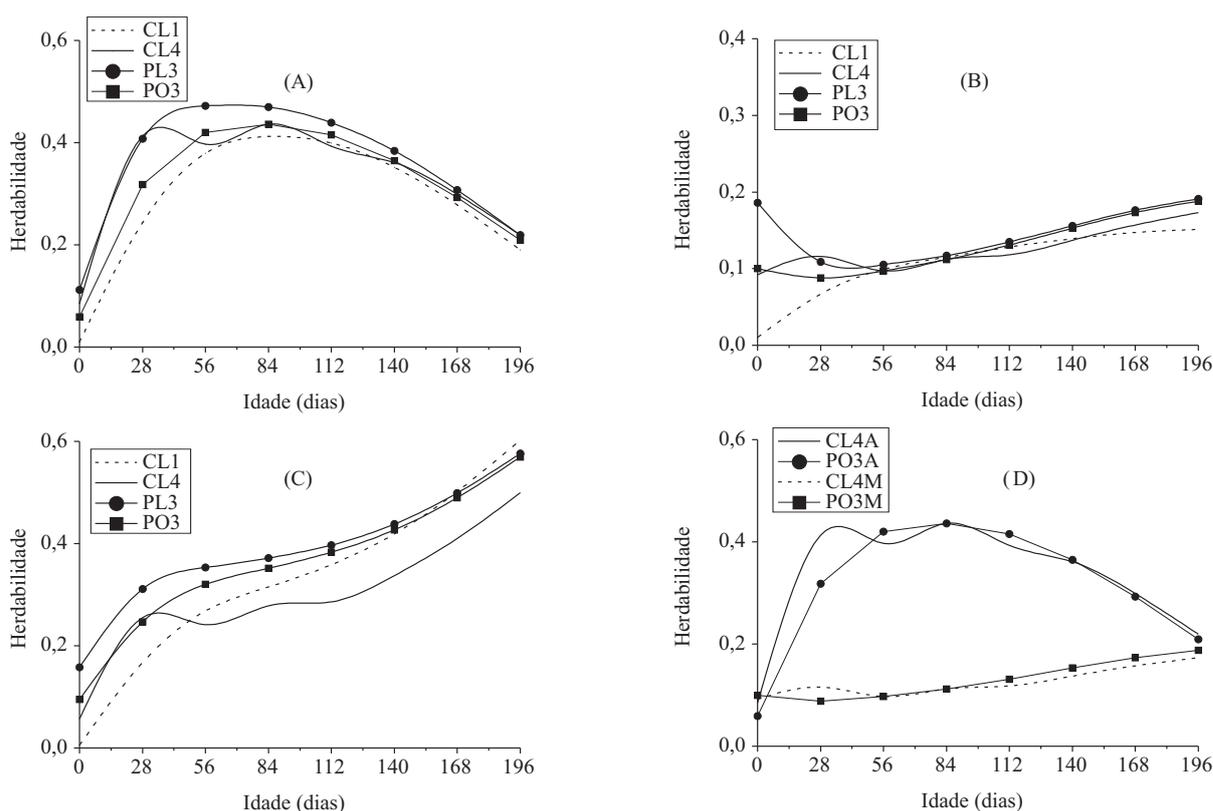
nascimento ao 112º dia de idade. Os modelos CL1 e CL4 apresentaram estimativas bem diferentes, em toda a trajetória de crescimento analisada. Do nascimento até o 56º dia de idade, o modelo CL4 proporcionou efeito de ambiente permanente de animal maior do que os obtidos com o modelo CL1, ao passo que do 56º dia de idade até o final da curva de crescimento, o ambiente permanente do animal, obtido por meio do modelo CL4, foi menor do que o estimado pelo modelo CL1.

As correlações genéticas e fenotípicas entre os pesos, do nascimento ao 196º dia de idade, obtidas pelo ajuste do modelo PO3, são apresentadas na Tabela 2. As estimativas de correlação, do peso ao nascimento com os demais pesos, foram positivas, mas apresentaram estimativas muito inferiores, em relação às correlações entre as demais idades.

As correlações do peso ao nascer variaram de moderada à baixa magnitude, mesmo entre os pesos

mais próximos, como o do 28º dia, de 0,64, para a correlação genética, e de 0,24 para a fenotípica. Entre os pesos do 28º ao 196º dias de idade, as estimativas de correlações foram maiores (0,47 a 0,99). Sakaguti et al. (2003) e Sarmiento et al. (2006) observaram resultados semelhantes, em estudos com bovinos e ovinos de corte, respectivamente.

Embora se espere que animais mais pesados ao nascer mantenham essa vantagem em idades posteriores, quando a seleção é praticada, o peso excessivo ao nascer pode comprometer tanto o parto como o desenvolvimento pós-natal, especialmente em caprinos, em que partos gemelares são mais frequentes. As altas correlações genéticas aditivas, obtidas entre pesos observados entre pares de idades posteriores ao nascimento, indicam que a seleção para maior peso, nas primeiras idades, tende a aumentar o peso nas idades subseqüentes.



**Figura 3.** Estimativas de herdabilidade direta (A); herdabilidade materna (B); efeitos de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica (C), em função da variância residual homogênea (CL1), heterogênea, por meio de quatro classes (CL4), polinômio de Legendre e polinômio ordinário de ordem três (PL3 e PO3); e herdabilidade direta (CL4A e PO3A) x herdabilidade materna (CL4M e PO3M) (D).

**Tabela 2.** Estimativas de correlação genética (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal), entre os pesos nas idades consideradas, obtidas pelo modelo PO3 (polinômio ortogonal de terceira ordem).

Idade (dias)	Idade (dias)							
	0	28	56	84	112	140	168	196
0	1,000	0,644	0,534	0,473	0,419	0,360	0,285	0,180
28	0,244	1,000	0,991	0,979	0,964	0,946	0,917	0,868
56	0,199	0,723	1,000	0,997	0,991	0,981	0,963	0,928
84	0,165	0,724	0,861	1,000	0,998	0,992	0,979	0,952
112	0,134	0,698	0,850	0,907	1,000	0,998	0,990	0,968
140	0,103	0,649	0,811	0,884	0,926	1,000	0,997	0,982
168	0,069	0,574	0,741	0,828	0,892	0,937	1,000	0,994
196	0,032	0,472	0,638	0,739	0,822	0,893	0,945	1,000

## Conclusões

1. É necessário considerar a heterogeneidade de variâncias residuais, no modelo de ajuste dos dados, nas estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos do caráter crescimento de caprinos Anglo-Nubianos.

2. A melhor descrição das variâncias residuais, na trajetória de crescimento de caprinos Anglo-Nubianos, é obtida pela função de variâncias com polinômios ordinários de ordem três.

## Agradecimentos

À Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba, pelo fornecimento dos dados para a realização deste trabalho.

## Referências

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

BREDA, F.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; YAMAKI, M.; REIS FILHO, J.C.; SARMENTO, J.L.R.; LOPES, P.S.; RODRIGUES, M.T. Estimativa de parâmetros genéticos para produção de leite de cabras da raça Alpina. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, p.396-404, 2006.

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

FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J.H.J.; BANKS, R.G.; BALL, A.J. Description of lamb growth using random regression on field data. *Livestock Production Science*, v.89, p.175-185, 2004.

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

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

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. *Acta Agriculturae Scandinavica; Section A - Animal Sciences*, v.52, p.11-24, 2002.

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

MEYER, K. "DXMRR": a program to estimate covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6. 1998, Armidale. *Proceedings...* Armidale: [s.n.], 1998. v.27. p.465-466.

MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.116, p.181-205, 1999.

MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. *Livestock Production Science*, v.65, p.19-38, 2000.

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

NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J.K.; SILVA, L.O.C.; LOPES, P.S. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *Journal of Animal Science*, v.81, p.918-926, 2003.

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

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S.; SOUSA, W.H.; LOPES, P.S.; ARAÚJO, C.V.; EUCLYDES, R.F. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.58, p.68-77, 2006.

Recebido em 27 de agosto de 2008 e aprovado em 28 de novembro de 2008