

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS AFINS DE MÚLTIPLOS CARACTERES EM BOVINOS¹

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS² e ROLAND VENCOVSKÝ³

RESUMO - O trabalho objetivou comparar os métodos da Máxima Verossimilhança (ML), Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e o método Iterativo de Henderson (IHSM), quanto aos aspectos computacionais, estimativas de variâncias genéticas (g_{ii}), residual (r_{ii}) e de herdabilidade (h^2) dos pesos à desmama e aos doze meses em bovinos em um modelo multivariado e com a inclusão da matriz de parentesco entre touros. IHSM, ML e REML convergiram com 13, 40 e 40 iterações, respectivamente, porém, o REML foi o mais exigente computacionalmente. O método IHSM, em comparação com o ML e REML, superestimou os valores de g_{ii} e de h^2 . Embora seja iterativo, o IHSM exigiu poucos recursos de computação, apresentando-se como atrativo para estimar componentes de variâncias e covariâncias de caracteres múltiplos em populações grandes, e ainda com a inclusão do parentesco entre os animais, o que justifica investigações adicionais antes de recomendá-lo na prática. Comparados ao REML, os valores obtidos por ML foram semelhantes para g_{ii} e inferiores para r_{ii} , proporcionando valores de h^2 superiores em torno de 5,0%. Em face das dificuldades computacionais na utilização do REML, o ML mostrou ser uma opção útil para estimar variâncias quando se usam múltiplos caracteres e parentesco entre os reprodutores.

Termos para indexação: máxima verossimilhança, método iterativo de Henderson, herdabilidade, parentesco.

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

ABSTRACT - The objective of this study was to compare Maximum Likelihood (ML), Restricted Maximum Likelihood (REML) and the Iterative Henderson Simple Method (IHSM), regarding computational aspects, genetic (g_{ii}), residual (r_{ii}) variance and heritability (h^2) estimates from a multitrait model of body weight at weaning and at 12 months of age in cattle. IHSM, ML and REML converged with 13, 40 and 40 iterations, respectively. Compared to ML and REML, IHSM overestimated g_{ii} and h^2 values. Although iterative, the IHSM method required less calculations and appeared attractive in estimating (co) variances from multiple-trait models in large populations including relationship among animals. However, additional investigations are needed, before its recommendation for practical use. Compared to REML, ML underestimated values of r_{ii} and overestimated the h^2 values in 5%. Due to computational task for using REML, ML can be useful in estimating (co) variances from multiple-trait model, including relationship among sires.

Index terms: maximum likelihood, iterative Henderson simple method, heritability, relationship among animals.

¹ Aceito para publicação em 13 de outubro de 1992.

Extraído da Dissertação do primeiro autor para obtenção do grau de Doutor em Agronomia. Dep. de Genética. ESALQ-USP.

² Eng.-Agr., Ph.D., EMBRAPA/Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual de São Carlos, Caixa Postal 339, CEP 13560-970 São Carlos, SP.

³ Eng.-Agr., Dr., Prof.-Titular, Dep. de Genética, ESALQ/USP, Caixa Postal 9, CEP 13405-155 Piracicaba, SP.

INTRODUÇÃO

Estimativas de variâncias e covariâncias que possuam confiabilidade são importantes para o planejamento de programas eficientes de melhoramento genético e para maximizar a acurácia da seleção dos animais. O uso de características múltiplas em conjunção com a matriz de parentesco entre os reprodutores aumenta a acurácia dessas estimativas, pelas seguintes razões: elas utilizam melhor as informações sobre características correlacionadas (Sorensen & Kennedy 1984, Tier & Graser 1991), reduzem ou eliminam vícios das estimativas causados pela seleção, e estimam mais apropriadamente variâncias e covariâncias (Pollak 1985). Com o incremento na tecnologia de computação, vem crescendo o interesse por métodos mais sofisticados e eficientes na obtenção de estimativas de componentes de variância, tais como o método da Máxima Verossimilhança (ML) (Hartley & Rao 1967), Máxima Verossimilhança Restrita (REML) (Patterson & Thompson 1971) e o Método Iterativo Simples de Henderson (IHSM) descrito em Henderson (1984).

O objetivo do presente trabalho foi comparar os seguintes métodos: ML, REML e IHSM quanto aos aspectos computacionais, estimativas de variâncias e covariâncias, e parâmetros afins, na análise multivariada do peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2) de animais da raça Canchim, nascidos e criados na Fazenda Canchim, município de São Carlos, SP.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os dados de 1.125 bezerros da raça Canchim, nascidos e desmamados nos anos de 1982 a 1988, na Fazenda Canchim, município de São Carlos, SP, sede da Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual - UEPAE de São Carlos, SP. As características analisadas foram o peso à desmama (Y_1) e peso aos doze meses (Y_2), ajustados linearmente para 240 e 365 dias, respectivamente. Estas características foram analisadas através de um modelo linear misto, que incluiu os efeitos fixos: sexo, ano e época de nascimento (época 1: janeiro a julho; época 2: agosto a dezembro), além dos efeitos aleatórios de touros.

Modelo matricial

Seja o modelo linear misto para duas características:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \end{bmatrix} \quad (1)$$

Para cada característica, tem-se:

Y = vetor de observações ($n \times 1$);

b = vetor de efeitos fixos ($p \times 1$): sexo, época, ano de nascimento, interação ano x época e idade da vaca ao parto;

X = matriz de valores conhecidos zeros e uns ($n \times p$), que associa os elementos b ao vetor de dados Y ;

u = vetor aleatório ($q \times 1$), que inclui os valores genéticos a serem preditos; efeito de touros;

Z = matriz a idades conhecidas zeros e uns ($u \times q$) que associa elementos de u ao vetor dos dados Y ;

e = vetor aleatório ($n \times 1$).

Esperanças e variâncias

$$\text{Var} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ e_1 \\ e_2 \\ z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}^A & g_{12}^A & 0 & 0 \\ g_{12}^A & g_{22}^A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & r_{11}^I & r_{12}^I \\ 0 & 0 & r_{12}^I & r_{22}^I \\ & & 12 & 22 \end{bmatrix} \quad (2)$$

$$G_o = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{12} & g_{22} \end{bmatrix}; \quad R_o = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} \\ r_{12} & r_{22} \end{bmatrix}$$

em que Go e Ro são matrizes de variâncias-covariâncias genéticas e residuais, respectivamente, associadas às características Y₁ e Y₂.

g_{ij} = covariância genética entre as características i e j;

r_{ij} = covariância residual entre as características i e j;

I = matriz identidade de ordem n.

A = numerados da matriz de parentesco entre touros (Henderson, 1976).

A matriz de variância-covariância residual não é diagonal, pois o peso à desmama e o peso aos doze meses foram considerados como características obtidas em ambientes diferentes.

As Equações de Modelos Mistos - EMM -, Henderson (1973) expandidas para duas características, e considerando ainda a matriz A⁻¹ (inversa de A), foram organizadas de acordo com Henderson & Quaas (1976):

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} c_{11} & c_{12} \\ c_{12}' & c_{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} t_1 \\ t_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} c_{11}^* & c_{12}^* \\ c_{12}^* & c_{22}^* \end{bmatrix} \begin{bmatrix} t_1 \\ t_2 \end{bmatrix}$$

em que:

$$\hat{b} = \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix}; \quad \hat{u} = \begin{bmatrix} \hat{u}_1 \\ \hat{u}_2 \end{bmatrix}$$

$$c_{11} = \begin{bmatrix} r^{11}x_1'x_1 & r^{12}x_1'x_2 \\ r^{12}x_2'x_1 & r^{22}x_2'x_2 \end{bmatrix}; \quad c_{12} = \begin{bmatrix} r^{11}x_1'z_1 & r^{12}x_1'z_2 \\ r^{12}x_2'z_1 & r^{22}x_2'z_2 \end{bmatrix}$$

$$c_{22} = \begin{bmatrix} r^{11}z_1'z_1 + g^{11}A^{-1} & r^{12}z_1'z_2 + g^{12}A^{-1} \\ r^{12}z_2'z_1 + g^{12}A^{-1} & r^{22}z_2'z_2 + g^{22}A^{-1} \end{bmatrix}$$

$$t_1 = \begin{bmatrix} x_1'Cr^{11}y_1 + r^{12}y_2 \\ x_2'Cr^{21}y_1 + r^{22}y_2 \end{bmatrix}; \quad t_2 = \begin{bmatrix} z_1'Cr^{11}y_1 + r^{12}y_2 \\ z_2'Cr^{21}y_1 + r^{22}y_2 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{12} & g^{22} \end{bmatrix} = G_o^{-1}; \quad \begin{bmatrix} r^{11} & r^{12} \\ r^{12} & r^{22} \end{bmatrix} = R_o^{-1}$$

A obtenção de C^* foi feita através de partição de matrizes (Searle 1971).

O numerador da matriz de parentesco entre touros (A) e sua inversa (A^{-1}), por definição, são matrizes cujos elementos diagonais são as somas das contribuições dos animais e de suas progênes, enquanto que os elementos fora da diagonal são contribuições devidas a um acasalamento, e também entre o par pai-progênie. Inicialmente, foi obtida uma matriz A^{-1} de ordem 65 de acordo com Henderson (1976), sendo a matriz A^{-1} de ordem 52, usada neste trabalho, obtida através de partição (Searle 1971).

Método da ML

As estimativas para g_{ij} e r_{ij} ($i, j = 1, 2$) na $(k + 1)$ -ésima iteração, através do algoritmo EM (Dempster et al. 1977), são:

$$\begin{aligned}\hat{g}_{1j}(k+1) &= [\hat{u}'_1(k) A^{-1} \hat{u}_j(k) + \text{tr} (A^{-1} T_{1j}(k))] / q \\ \hat{r}_{1j}(k+1) &= [\hat{\sigma}'_1(k) \hat{\sigma}_j(k) + \text{tr} (Z'_1 T_{1j} Z'_j)(k)] / (n - \text{posto}(X))\end{aligned}\quad (4)$$

A matriz T corresponde à inversa da submatriz C_{22} , definida de acordo com Rothschild et al. (1979), ou seja:

$$T = (R_0 * Z'Z + G_0 * A^{-1})^{-1} = \begin{bmatrix} T_{11} & T_{12} \\ T'_{12} & T_{22} \end{bmatrix}\quad (5)$$

Em (4) $e_i = Y_i - X_i b_i - Z_i u_i$, sendo b_i e u_i soluções do sistema de equações (3), "q" é a ordem de u , "n" o número de observações "*" o produto direto de Kronecker (Searle 1971).

Método da REML

As estimativas para g_{ij} e r_{ij} , obtidas através do algoritmo EM (Dempster et al. 1977) na $(k + 1)$ -ésima iteração, são:

$$\begin{aligned}\hat{g}_{1j}(k+1) &= [\hat{u}'_1(k) A^{-1} \hat{u}_j(k) + \text{tr} (A^{-1} C_{1j}^*)] / q \\ \hat{r}_{1j}(k+1) &= [\hat{\sigma}'_1(k) \hat{\sigma}_j(k) + \text{tr} B_{1j}(k)] / (n - \text{posto}(X))\end{aligned}\quad (6)$$

em que:

$$C_{1j}^* = [C_{22} - C'_{12} C_{11}^{-1} C_{12}]^{-1}; \quad B_{1j} = (CWC')_{1j}; \quad W = (X \mid Z)$$

As matrizes X e Z são expandidas para duas características, conforme o modelo (3), sendo as demais matrizes e vetores definidos como no método da ML. As estimativas de variâncias obtidas por ML e REML, em cada iteração, são utilizadas na formação de (3); novos valores são obtidos utilizando-se os sistemas de (3) a (6), e o processo continua até a convergência.

Método IHSM

É uma extensão do método IHSM para o caso multivariado, conforme Bertrand & Kriese (1990); requer que os efeitos fixos sejam absorvidos dentro dos efeitos aleatórios, que a primeira característica não tenha registros perdidos, e, ainda, que o grupo contemporâneo da segunda característica seja um subgrupo do grupo contemporâneo para a primeira característica. As soluções para u_1 e u_2 são obtidas do sistema de equações abaixo:

$$\begin{bmatrix} \hat{u}_1 \\ \hat{u}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} D_{11} & D_{12} \\ D'_{12} & D_{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} Z'_1 M_{11} Y_1 + Z'_1 M_{12} Y_2 \\ Z'_2 M_{12} Y_2 + Z'_2 M_{22} Y_2 \end{bmatrix} \quad (7)$$

em que:

$$D_{11} = \text{diag}[(Z'_1 M_{11} Z_1 - Z'_2 M_{22} Z_2) * 1/r_{11} + Z'_2 M_{22} Z_2 * r^{11} + g^{11} * A^{-1}]$$

$$D_{12} = \text{diag}[Z'_2 M_{22} Z_2 * r^{12} + g^{12} * A^{-1}]$$

$$D_{22} = \text{diag}[Z'_2 M_{22} Z_2 * r^{22} + g^{22} * A^{-1}]$$

$$M_1 = I - X_1 (X'_1 X_1)^{-1} X'_1; \quad M_2 = J - X_2 (X'_2 X_2)^{-1} X'_2$$

$$Z'_1 M_{11} Y_1 = (Z'_1 M_{11} Y_1 - Z'_2 M_{22} Y_1) * r_{11} + Z'_2 M_{22} Y_1 * r^{11}$$

$$Z'_2 M_{12} Y_2 = Z'_2 M_{22} Y_2 * r^{12}; \quad Z'_2 M_{22} Y_2 = Z'_2 M_{22} Y_2 * r^{22}$$

Neste trabalho, todos os animais tinham informações para Y_1 e Y_2 , o que possibilitou as seguintes simplificações matriciais:

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

Com as soluções u_1 e u_2 obtidas de (7), as estimativas de variâncias e covariâncias genéticas e residuais são obtidas por igualar-se às seis quadráticas às suas esperanças. As soluções obtidas são aproximadas, pois usa-se a diagonal da matriz de coeficientes.

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

$$\begin{aligned} \text{tr } A^{-1} & \left(\left[\sum_i \sum_j r^{11} r^{1j} D^{11} P D^{1j} \right] g_{11} + \left[\sum_i \sum_j r^{11} r^{j2} D^{11} P D^{1j} \right] g_{22} + \right. \\ & \left[\sum_i \sum_j r^{11} r^{1j} D^{11} Q D^{1j} \right] r_{11} + \left[\sum_i \sum_j r^{11} r^{j2} D^{11} Q D^{1j} \right] r_{22} \\ & \left(\sum_i \sum_j r^{11} r^{j2} D^{11} P D^{1j} \right) + \left(\sum_i \sum_j r^{12} r^{1j} D^{11} P D^{1j} \right) g_{12} + \\ & \left(\sum_i \sum_j r^{11} r^{j2} D^{11} Q D^{1j} \right) + \left(\sum_i \sum_j r^{12} r^{1j} D^{11} Q D^{1j} \right) r_{12} \end{aligned}$$

$$b) E[\hat{u}_1' A^{-1} \hat{u}_2] =$$

$$\begin{aligned} \text{tr } A^{-1} & \left(\left[\sum_i \sum_j r^{11} r^{1j} D^{11} P D^{j2} \right] g_{11} + \left[\sum_i \sum_j r^{12} r^{j2} D^{11} P D^{j2} \right] g_{22} + \right. \\ & \left[\sum_i \sum_j r^{11} r^{1j} D^{11} Q D^{j2} \right] r_{11} + \left[\sum_i \sum_j r^{12} r^{j2} D^{11} Q D^{j2} \right] r_{22} + \\ & \left(\sum_i \sum_j r^{11} r^{j2} D^{11} P D^{j2} \right) + \left(\sum_i \sum_j r^{12} r^{1j} D^{11} P D^{j2} \right) g_{12} + \\ & \left(\sum_i \sum_j r^{11} r^{j2} D^{11} Q D^{j2} \right) + \left(\sum_i \sum_j r^{12} r^{1j} D^{11} Q D^{j2} \right) r_{12} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 c) E \left[\hat{u}_2' A^{-1} \hat{u}_2 \right] = & \\
 \text{tr } A^{-1} \left(\begin{aligned} & \left(\sum_i \sum_j r_{11}^{11} r_{1j}^{1j} D^{12} P D^{j2} \right) \sigma_{11} + \left(\sum_i \sum_j r_{12}^{12} r_{1j}^{j2} D^{12} P D^{j2} \right) \sigma_{22} + \\ & \left(\sum_i \sum_j r_{11}^{11} r_{1j}^{1j} D^{12} Q D^{j2} \right) r_{11} + \left(\sum_i \sum_j r_{12}^{12} r_{1j}^{j2} D^{12} Q D^{j2} \right) r_{22} + \\ & \left(\sum_i \sum_j r_{11}^{11} r_{1j}^{j2} D^{12} P D^{j2} \right) \sigma_{12} + \\ & \left(\sum_i \sum_j r_{11}^{11} r_{1j}^{j2} D^{12} Q D^{j2} \right) r_{12} \end{aligned} \right) \\
 d) E (Y_1' M Y_1) = & \text{tr } (A Z' M Z) \sigma_{11} + \text{tr } (M D) r_{11} \\
 e) E (Y_1' M Y_2) = & \text{tr } (A Z' M Z) \sigma_{12} + \text{tr } (M D) r_{12} \\
 f) E (Y_2' M Y_2) = & \text{tr } (A Z' M Z) \sigma_{22} + \text{tr } (M D) r_{22} \\
 P = & Z' M Z \quad A Z' M Z; \quad Q = Z' M M Z = Z' M Z;
 \end{aligned}$$

Com a solução do sistema acima, as estimativas de variâncias obtidas reformulam o sistema de equações em (7), novos valores são obtidos, e o processo continua até a convergência.

Estimativas de outros parâmetros genéticos

As estimativas de coeficientes de herdabilidade, correlações genéticas, fenotípicas, ambiental e residual entre as características foram obtidas através de fórmulas descritas em Becker (1975), considerando-se a correlação entre meios-irmãos paternos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Fig. 1 ilustra o processo iterativo dos três métodos, em que se observa uma convergência mais rápida das estimativas de variâncias residuais em relação às variâncias genéticas, o que coincide com os resultados obtidos por Dong & Mao (1990).

O método IHSM apresentou uma estabilização das variâncias a partir da terceira iteração e convergiu com treze iterações. O REML e o ML apresentaram uma estabilização das variâncias em torno da quinta e décima iteração, respectivamente, ocorrendo pequenas alterações daí em diante; porém, 40 iterações foram necessárias para se obter uma precisão de 10^{-3} nas estimativas. Como já foi observado em análises univariadas utilizando-se os mesmos dados (Freitas 1991), com os métodos ML e REML houve maior rapidez de convergência das estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas em relação às estimativas de variâncias; esta característica é importante para decidir o número de iterações necessárias, pois, dependendo da precisão, poucos passos são exigidos.

O processo de convergência com o algoritmo EM segue uma progressão geométrica, ou seja, as trocas nos elementos de G e R ficam cada vez menores, o que indica que a verossimilhança incrementa a cada iteração, até atingir o limite do erro estabelecido, porém envolvendo um número grande de iterações. Segundo Rothschild et al. (1979) e Smith & Graser (1986), o número de iterações necessárias varia segundo o modelo, o algoritmo usado, entre outros.

A velocidade de convergência dos parâmetros genéticos através do EM tem sido estudada por outros pesquisadores. Segundo Taylor & Everett (1985), cerca de onze iterações foram suficientes para se obter estimativas de parâmetros genéticos de características do sêmen de bovinos com precisão de 0,01 - resultados concordantes com os obtidos no presente trabalho para ML e REML. Por outro lado, Jensen & Mao (1988) verifi-

caram que o número de iterações para a estimativa de parâmetros genéticos por REML através do EM variou de 100 a 4.800.

As estimativas de variâncias e covariâncias genéticas e residuais estão na Tabela 1.

Os valores obtidos são resultados da convergência, considerando três conjuntos de valores iniciais, o que permite inferir que se trata de máximo local ou mesmo global. Vários procedimentos têm sido adotados pelos pesquisadores para

definir o processo de convergência quando se trabalha com o EM, ou seja: usar valores das estimativas abaixo e acima dos obtidos na primeira convergência (Taylor & Everett 1985); usar dois ou três dígitos significativos para o coeficiente de herdabilidade (Graser et al. 1987), e usar diferentes valores iniciais (Henderson 1985, Southwood et al. 1989, Groeneveld & Kovac 1990).

A Tabela 2 mostra as estimativas de correlações entre os pesos à desmama e aos doze meses.

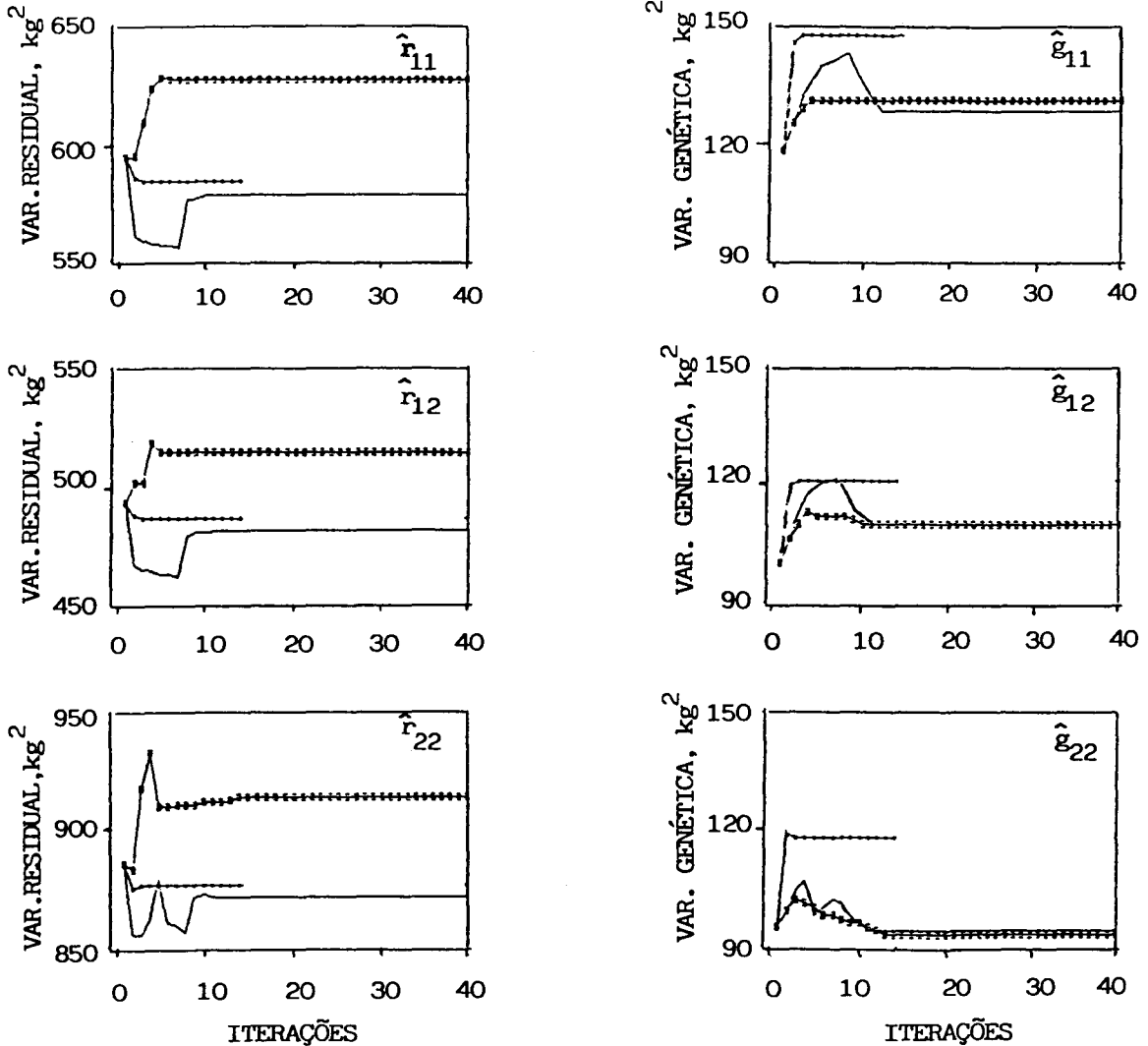


FIG. 1. Estimativas de variâncias e covariâncias genéticas (\hat{g}_{ij}) e residuais (\hat{r}_{ij}) obtidas por IHSM (- - - - -), ML (———) e REML (.....), onde $i, j = 1, 2$, referem-se aos pesos à desmama e aos doze meses, respectivamente.

TABELA 1. Estimativas de variâncias e covariâncias (kg^2) entre touros (g_{ij}) e residuais (r_{ij}) para $i, j = 1, 2$.

Estimativa	IHSM	ML	REML
\hat{g}_{11}	148,26 (124,78)*	128,15 (132,10)	131,18 (144,50)
\hat{g}_{12}	121,75 (104,98)	110,07 (122,81)	110,55 (134,66)
\hat{g}_{22}	118,50 (85,49)	• 94,54 (91,24)	93,19 (106,85)
\hat{r}_{11}	584,21 (597,09)	578,44 (585,28)	627,80 (595,99)
\hat{r}_{12}	486,26 (493,76)	481,30 (485,11)	515,18 (494,14)
\hat{r}_{22}	876,54 (03,98)	871,97 (877,65)	914,18 (892,33)

* Valores dentro dos parênteses foram obtidos com a análise univariada por Freitas (1991).

As correlações genéticas em torno de 1,0 indicam tratar-se da mesma característica, porém, os fatores ambientais que as influenciam são bastante divergentes, uma vez que as correlações ambientais variaram de 0,45 a 0,61. Para o peso aos doze meses, a variância entre os indivíduos dentro da família de meios-irmãos foi 50% maior em relação ao peso à desmama. Isto explica, em parte, a menor variabilidade genética e herdabilidade obtidos para o peso aos doze meses.

As estimativas de h^2 obtidas no presente trabalho (Tabela 3), principalmente as referentes ao peso à desmama, estão situadas no extremo dos valores da literatura para o rebanho Canchim. Além da influência da seleção, do grau de parentesco entre os reprodutores e da metodologia usada para estimar componentes de variâncias, vários fatores podem influenciar os valores de h^2 para uma dada característica, raça, rebanho ou cruzamento, entre os quais destacam-se o processo de amostragem e o tamanho dos arquivos, decorrentes do fato de serem tais estimativas obtidas de amostras finitas de dados (Silva 1982, Carabaño

& van Vleck 1989), além das condições de manejo, as quais podem limitar ou favorecer o potencial genético dos reprodutores superiores.

A seleção é outro fator que tem conseqüência direta na precisão e no valor das estimativas de variâncias e de herdabilidade. Na presença deste efeito (Dempfle et al. 1983, Henderson 1984, Carabaño & van Vleck 1989), há uma tendência de se obterem valores menores para os componentes de variâncias entre touros. O fato de os métodos da ML e da REML controlarem ou minimizarem vícios das estimativas decorrentes de seleção (Rothschild et al. 1979, Henderson 1986, Ouweltes et al. 1988, Vanraden & Jung 1988) explica, em parte, os valores maiores obtidos para as variâncias genéticas e, conseqüentemente, das estimativas de h^2 proporcionadas por estes métodos. Freitas (1991), utilizando a mesma amostra de dados em uma análise univariada, através do método 3, obteve valores menores para as estimativas de herdabilidade, ou seja, $0,66 \pm 0,13$ e $0,39 \pm 0,10$ para pesos à desmama e aos doze meses, respectivamente.

TABELA 2. Estimativas de correlações entre o peso à desmama e peso aos doze meses de animais Canchim.

Correlação	IHSM	ML	REML
Genética	0,92	0,99	0,99
Fenotípica	0,71	0,71	0,87
Ambiental	0,45	0,45	0,61
Residual	0,68	0,68	0,68

TABELA 3. Estimativas de herdabilidade de peso à desmama (Y_1) e aos meses (Y_2) de animais Canchim.

Característica	IHSM	ML	REML
Y_1	$0,80 \pm 0,15^*$	$0,72 \pm 0,15$	$0,69 \pm 0,14$
Y_2	$0,48 \pm 0,12$	$0,39 \pm 0,11$	$0,37 \pm 0,10$

* Erro-padrão aproximado, conforme Becker (1975).

As estimativas de h^2 , obtidas através do IHSM, foram 11,0 e 17,0% maiores, respectivamente, do que as proporcionadas por ML e REML para Y_1 , e 21,0 e 28,0%, em relação a Y_2 . Os resultados da literatura utilizando o IHSM não incluíram o parentesco entre touros, o que dificulta uma comparação com os obtidos no presente trabalho. Hudson & van Vleck (1982), usando este método na estimativa de variâncias e de outros parâmetros genéticos em dados de produção de leite e de gordura, obtiveram convergência com quatro iterações, o que mostra a simplicidade do método. Outros resultados da literatura revelam, além de sua facilidade computacional, resultados biológicos desejáveis (Dempfle et al. 1983, Bertrand & Benyshek 1987, Vanraden & Jung 1988, Kriese et al. 1991). Verifica-se, portanto, que mais pesquisas são necessárias com este método, principalmente com o uso de grandes arquivos e ainda com a inclusão da matriz de parentesco.

As estimativas dos coeficientes de variação estão na Tabela 4, onde se verifica que uma maior variabilidade genética foi obtida quanto ao peso à desmama. Da mesma forma, os coeficientes que são mais influenciados pelas variâncias ambientais foram maiores para o peso aos doze meses, o que significa que as condições ambientais foram piores para esta característica.

Observando-se a Tabela 1, verifica-se que na análise univariada (Freitas 1991), os métodos da ML e REML foram bastante divergentes quanto

às estimativas de variâncias e covariâncias genéticas; contudo, tais distorções foram eliminadas na análise multivariada, e, mais ainda, com a adição do parentesco entre touros. O fato de ML e REML serem métodos correlatos mostra que, na análise multivariada, variâncias e covariâncias mais apropriadas são estimadas, o que confirma a afirmação de Pollak (1985).

CONCLUSÕES

1. O método IHSM, quando comparado com o ML e o REML, superestimou as estimativas de variâncias genéticas e de herdabilidade, porém exigiu poucos recursos de computação, apresentando-se, ainda, como adequado para o estudo de caracteres múltiplos mesmo em grandes arquivos. Esta constatação justifica estudos adicionais, antes de recomendá-lo na prática.

2. Os métodos da ML e da REML exigiram praticamente o mesmo número de iterações para a convergência das estimativas de variâncias, porém o REML é muito mais trabalhoso sob o aspecto computacional. Entretanto, com poucas iterações, ambos os métodos possibilitaram obter estimativas de h^2 com precisão no valor inteiro.

3. Em face das dificuldades computacionais na utilização do REML, o ML mostrou ser uma opção útil para estimar variâncias e covariâncias, considerando múltiplos caracteres e inclusão do parentesco entre reprodutores.

REFERÊNCIAS

- BECKER, W.A. **Manual of quantitative genetics**. Washington: Students Book Corporation, 1975. 170p.
- BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Variance and covariance estimates of maternally influenced beef growth traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.64, n.3, p.728-734, 1987.
- BERTRAND, J.K.; KRIESE, L.A. Two methods for parameter estimation using multiple-trait models and beef cattle field data. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.68, n.8, p.2310-2318, 1990.
- CARABAÑO, M.J.; VAN VLECK, L.D. Estimation of genetic parameters for milk and fat yields of dairy

TABELA 4. Estimativas de coeficientes de variação (%).

	IHSM	ML	REML
Genético-aditiva(1) ^a	12,82	11,92	12,06
Genético-aditiva(2)	10,69	9,55	9,48
Fenotípica(1)	14,25	13,99	14,50
Fenotípica(2)	15,49	15,26	15,58
Ambiental(1)	6,22	7,33	8,06
Ambiental(2)	11,21	11,91	12,37
Residual(1)	12,72	12,66	13,19
Residual(2)	14,54	14,50	14,84

^a "1" refere a peso à desmama e "2" a peso dos doze meses.

- cattle in Spain and in the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.72, n.11, p.3013-3022, 1989.
- DEMPFLE, L.; HAGGER, C.; CHNEEBERGER, M. On the estimation of genetic parameters via variance components. **Genetic Selection**, Toulouse, v.15, n.3, p.425-444, 1983.
- DEMPSTER, A.P.; LAIRD, N.M.; RUBIN, D.B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of Royal Statistic Society - serie B**, London, v.39, p.1-38, 1977.
- DONG, M.C.; MAO, I.L. Heterogeneity of (co) variance and heritability in different levels of intraherd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.73, n.3, p.843-851, 1990.
- FREITAS, A.R. de. **Comparação de métodos de estimação de componentes de variâncias e parâmetros afins de múltiplos caracteres em bovinos**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1991. 170p. Tese de Doutorado.
- GRASER, H.U.; SMITH, S.P.; TIER, B. A derivative free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.64, n.5, p.1362-1370, 1987.
- GROENEVELD, E.; KOVAC, M. A note on multiple solutions in multivariate restricted maximum likelihood covariance component estimation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.73, n.8, p.2221-2229, 1990.
- HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, London, v.54, n.1/2, p.93-108, 1967.
- HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontario: University of Guelph, 1984. 462p.
- HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, Washington, v.32, n.1, p.69-84, 1976.
- HENDERSON, C.R. MIVQUE and REML estimation of additive and nonadditive genetic variances. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.61, n.1, p.113-121, 1985.
- HENDERSON, C.R.; QUAAS, R.L. Multiple traits evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, Champaign, Champaign, v.43, n.6, p.1188-1197, 1976.
- HENDERSON, C.R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.63, n.1, p.208-216, 1986.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetics trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR JAY LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings...** Blacksburg: American Society of Animal Science, 1973. p.10-41.
- HUDSON, G.F.S.; VAN VLECK, L.D. Estimation of components of variance by method 3 and Henderson's new method. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.65, n.3, p.435-441, 1982.
- JENSEN, J.; MAO, I.L. Transformations algorithms in analysis of single trait and of multitrait models with equal design matrices and one random factor per trait: a review. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.66, p.2750-2761, 1988.
- KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K.; BENISHEK, L.L. Genetic and environmental group trait parameter estimates for Brahman and Brahman-derivative cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.69, n.6, p.2362-2370, 1991.
- OUWELTJES, W.; SCHAEFFER, L.R.; KENNEDY, B.W. Sensitivity of methods of variance component estimation to culling type of selection. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.71, n.3, p.773-779, 1988.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v.58, p.545-554, 1971.
- POLLAK, E.J. Genetic evaluation of beef cattle from performance. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE PRODUÇÃO ANIMAL, 1., 1983, Ribeirão Preto. **Anais...** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1985. p.73-82.
- ROTHSCHILD, M.F.; HENDERSON, C.R.; QUAAS, R.L. Effects of selection on variances and covariances of simulated first and second lactations. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.62, n.6, p.996-1002, 1979.
- SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Wiley, 1971. 532p.

- SILVA, R.G. **Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162p.
- SMITH, S.P.; GRASER, H.U. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.64, n.4, p.1156-1165, 1986.
- SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.59, n.5, p.1213-1223, 1984.
- SOUTHWOOD, O.I.; KENNEDY, B.W.; MEYER, K.; GIBSON, J.P. Estimation of additive maternal and cytoplasmic genetic variances in animal models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.72, n.11, p.3006-3012, 1989.
- TAYLOR, J.F.; EVERETT, R.W. Estimation of variance components by the expectation-maximization algorithm for restricted maximum likelihood in a repeatability model for semen production. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.68, n.11, p.48-53, 1985.
- TIER, B.; GRASER, H.U. Predicting breeding values using an implicit representation of the mixed model equations for a multiple-trait animal model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Hamburg, v.108, n.2, p.81-88, 1991.
- VANRADEN, P.M.; JUNG, Y.C. A general purpose approximation to REML: the tilde-hat approach. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.71, n.1, p.187-194, 1988.