

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ  
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS  
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA**

**STELA ADAMI VAYEGO**

**USO DE MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE  
LINHAGENS DE MATRIZES DE FRANGO DE CORTE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética, área de concentração Melhoramento Genético Animal, Departamento de Genética, Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para a obtenção para o título de Doutor em Genética.

Orientador :  
**Prof. Dr. Nelson José Laurino Dionello**

Co-Orientadora:  
**Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Clarice Azevedo de Luna Freire**

Curitiba  
2007

## UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

Sistema de Bibliotecas

Vayego, Stela Adami  
Uso de modelos mistos na avaliação genética de linhagens de  
matrizes de frango de corte./ Stela Adami Vayego . – Curitiba, 2007.

xvii; 104f. : il. ; 30cm.

Orientador: Nelson José Laurino Dionello  
Co-orientadora: Clarice Azevedo de Luna Freire

TESE (DOUTORADO) - UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ, SETOR DE  
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS. PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA.

1. Frango de corte – Melhoramento genético I. Título II.  
Dionello, Nelson José Laurino III. Freire, Clarice Azevedo de Luna IV.

I Universidade Federal do Paraná Setor de Ciências Biológicas



Ministério da Educação  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ  
Setor de Ciências Biológicas  
Programa de Pós-Graduação em Genética



## PARECER

Os abaixo-assinados, membros da Banca Examinadora da defesa de tese de Doutorado, a que se submeteu **STELA ADAMI VAYEGO**, para fins de adquirir o título de Doutor em Ciências Biológicas na área de Genética da Universidade Federal do Paraná, no Programa de Pós-Graduação em Genética, são de parecer que se confira ao candidato o conceito "A".

Secretaria da Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética do Setor de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Paraná.

Curitiba, 26 de Março de 2007.

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Nelson José Dionello  
Orientador e Presidente

Profa. Dra. Clarice Azevedo de Luna Freire  
Membro

Prof. Dr. Ferrnando Lucambio Pérez  
Membro

Prof. Dr. Elsio A. Pereira de Figueiredo  
Membro

Profa. Dra. Lygia V. Galli Terasawa - Depto de Genética/UFPR  
Membro

Visto:

Profa. Dra. Chirlei Glienke

Aos meus pais, Walter (*in memoriam*) e Maria Teresinha,  
a quem devo meus princípios morais e conquistas.

*“Todas as coisas têm seu tempo, e todas elas passam sob o céu,  
segundo o tempo que a cada uma foi prescrito... Há tempo de plantar  
e tempo de colher o que se plantou.”*

**(Eclesiastes, Capítulo III – 1;2)**

## AGRADECIMENTOS

Ao professor Dr. Nelson José Laurino Dionello, não apenas pelos conhecimentos profissionais passados, mas principalmente pela amizade e confiança recebida, sem as quais a realização desse trabalho não seria possível.

À professora Dra. Clarice Azevedo de Luna Freire, pela preciosa contribuição, amizade e pelo estímulo nos momentos mais difíceis.

À EMBRAPA/CNPSA, na pessoa do pesquisador Dr. Elsio Antonio Pereira de Figueiredo, pela acolhida e cedência dos dados que possibilitaram a realização desse trabalho.

À Universidade Federal do Paraná, pela oportunidade de realizar esse trabalho.

Aos professores do Departamento de Genética da UFPR, pela dedicação e conhecimentos passados.

Aos colegas de pós-graduação, pelo apoio e momentos de descontração.

Aos meus familiares, por boas vibrações, incentivo e pela compreensão de minha ausência.

Ao meu marido, Ivan, pelo carinho, compreensão e, principalmente pelo companheirismo durante essa jornada.

Enfim, à todos, mesmo àqueles descrentes, pelo estímulo que tornou possível ultrapassar essa etapa.

## SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS .....	x
LISTA DE TABELAS .....	xiii
RESUMO .....	xvi
ABSTRACT .....	xvii
1. INTRODUÇÃO .....	01
2. OBJETIVOS .....	05
3. REVISÃO DE LITERATURA .....	06
3.1. GENÉTICA AVÍCOLA .....	06
3.2. CRITÉRIOS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO ANIMAL .....	09
3.3. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA .....	10
3.4. PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS .....	13
3.5. ALGORITMOS PARA MAXIMIZAÇÃO DA FUNÇÃO DE VEROSSIMILHANÇA .....	15
3.6. PROGRAMAS COMPUTACIONAIS .....	16
3.7. HERDABILIDADES .....	17
3.8. CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS .....	18
4. MATERIAL E MÉTODOS .....	20
4.1. ORIGEM DO MATERIAL EXPERIMENTAL .....	20
4.2. ANÁLISE DESCRITIVA .....	21
4.3. ANÁLISE GENÉTICA .....	21
4.3.1. MODELO ANIMAL .....	22
4.3.2. MODELO ANIMAL COM EFEITO MATERNO .....	30
4.3.3. TESTE DA RAZÃO DE VEROSSIMILHANÇA .....	31
4.3.4. MODELO ANIMAL MULTICARACTERÍSTICAS .....	32
4.3.5. MÉTODO DA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML: RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD) .....	34

4.3.6. O ALGORITMO DFREML (DFREML: DERIVATIVE-FREE RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD) .....	38
4.3.7. O ALGORITMO AIREML (AIREML: AVERAGE INFORMATION RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD) .....	40
4.3.8. HERDABILIDADES .....	42
4.3.9. CORRELAÇÕES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS .....	42
4.3.10. TENDÊNCIA GENÉTICA .....	43
4.3.11. GANHO GENÉTICO E RESPOSTA CORRELACIONADA .....	44
4.3.12. ÍNDICES DE SELEÇÃO .....	45
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	49
5.1. LINHAGEM FÊMEA (PP) – GRUPO I .....	49
5.1.1. ANÁLISE DESCRITIVA .....	49
5.1.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA .....	51
5.1.3. HERDABILIDADES .....	52
5.1.4. CORRELAÇÕES GENÉTICA E FENOTÍPICA .....	53
5.1.5. TENDÊNCIAS GENÉTICA E FENOTÍPICA .....	54
5.1.6. ANÁLISE DO POTENCIAL SELETIVO DAS CARACTERÍSTICAS .....	59
5.1.7. COMPARAÇÃO ENTRE OS ALGORITMOS DFREML AIREML QUANTO À UTILIZAÇÃO DE RECURSOS COMPUTACIONAIS .....	61
5.2. LINHAGEM FÊMEA (PP) – GRUPO II .....	62
5.2.1. ANÁLISE DESCRITIVA .....	62
5.2.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA .....	63
5.2.3. HERDABILIDADES .....	65
5.2.4. CORRELAÇÕES GENÉTICA E FENOTÍPICA .....	67
5.2.5. TENDÊNCIAS GENÉTICA E FENOTÍPICA .....	68
5.2.6. ANÁLISE DO POTENCIAL SELETIVO DAS CARACTERÍSTICAS .....	73
5.2.7. ANÁLISE DAS RESPOSTAS CORRELACIONADAS DAS CARACTERÍSTICAS RECOMENDADAS PARA SELEÇÃO .....	74
5.2.8. ÍNDICE DE SELEÇÃO .....	75
5.2.9. COMPARAÇÃO ENTRE OS ALGORITMOS DFREML AIREML QUANTO À UTILIZAÇÃO DE RECURSOS COMPUTACIONAIS .....	76
5.3. LINHAGEM MACHO (TT) .....	78
5.3.1. ANÁLISE DESCRITIVA .....	78
5.3.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA .....	79

5.3.3. HERDABILIDADES .....	81
5.3.4. CORRELAÇÕES GENÉTICA E FENOTÍPICA .....	83
5.3.5. TENDÊNCIAS GENÉTICA E FENOTÍPICA .....	84
5.3.6. ANÁLISE DO POTENCIAL SELETIVO DAS CARACTERÍSTICAS .....	88
5.3.7. ANÁLISE DAS RESPOSTAS CORRELACIONADAS DAS CARACTERÍSTICAS RECOMENDADAS PARA SELEÇÃO .....	89
5.3.8. ÍNDICE DE SELEÇÃO .....	90
5.3.9. COMPARAÇÃO ENTRE OS ALGORITMOS DFREML AIREML QUANTO À UTILIZAÇÃO DE RECURSOS COMPUTACIONAIS	92
6. CONCLUSÕES .....	94
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	96

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 3.1</b> – Esquema e composição por geração da produção de frango de corte .....	08
<b>Figura 5.1</b> – Histograma das características P28(g), IMS(dias), PD35(%) e PD64(%) .....	46
<b>Figura 5.2</b> – Proporção da variação total devida aos efeitos genéticos aditivos diretos (herdabilidade) e aos efeitos residuais .....	49
<b>Figura 5.3</b> – Tendência genética para peso aos 28 dias de idade (g) .....	51
<b>Figura 5.4</b> – Tendência genética para idade à maturidade sexual (dias) .....	51
<b>Figura 5.5</b> – Tendência genética para produção de ovos até a 35 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	52
<b>Figura 5.6</b> – Tendência genética para produção de ovos até a 64 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	52
<b>Figura 5.7</b> – Tendência fenotípica para peso aos 28 dias de idade .....	53
<b>Figura 5.8</b> – Tendência fenotípica para idade à maturidade sexual .....	53
<b>Figura 5.9</b> – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 35 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	54
<b>Figura 5.10</b> – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 64 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	54
<b>Figura 5.11</b> – Histograma das características P42(g), IMS(dias), PD35(%) e PD64(%) .....	59

<b>Figura 5.12</b> – Proporção da variação total devida aos efeitos genéticos aditivos diretos (herdabilidade) e aos efeitos residuais .....	62
<b>Figura 5.13</b> – Tendência genética para peso aos 42 dias de idade (g) .....	65
<b>Figura 5.14</b> – Tendência genética para idade à maturidade sexual (dias) .....	65
<b>Figura 5.15</b> – Tendência genética para produção de ovos até a 35 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	66
<b>Figura 5.16</b> – Tendência genética para produção de ovos até a 64 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	66
<b>Figura 5.17</b> – Tendência fenotípica para peso aos 42 dias de idade .....	67
<b>Figura 5.18</b> – Tendência fenotípica para idade à maturidade sexual .....	67
<b>Figura 5.19</b> – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 35 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	68
<b>Figura 5.20</b> – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 64 <sup>a</sup> semana de idade (%) .....	68
<b>Figura 5.21</b> – Histograma das características P42(Kg), CPeito(cm), Larg1(cm) e Larg2(cm).....	75
<b>Figura 5.22</b> – Proporção da variação total devida aos efeitos genéticos aditivos diretos (herdabilidade) e aos efeitos residuais .....	78
<b>Figura 5.23</b> – Tendência genética para peso aos 42 dias de idade (Kg) .....	80
<b>Figura 5.24</b> – Tendência genética para comprimento de peito (cm) .....	81
<b>Figura 5.25</b> – Tendência genética para largura maior de peito (cm) .....	81
<b>Figura 5.26</b> – Tendência genética para largura menor de peito (cm) .....	82

<b>Figura 5.27</b> – Tendência fenotípica para peso aos 42 dias de idade .....	82
<b>Figura 5.28</b> – Tendência fenotípica para comprimento de peito .....	83
<b>Figura 5.29</b> – Tendência fenotípica para largura maior de peito .....	83
<b>Figura 5.30</b> – Tendência fenotípica para largura menor de peito .....	84

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 5.1</b> - Número total de aves (n), Média ( $\bar{X}$ ); Desvio-Padrão (S); Coeficiente de Variação (CV); Menor valor observado (Min) e Maior valor observado (Max) .....	45
<b>Tabela 5.2</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias genéticas das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	47
<b>Tabela 5.3</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias ambiental das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	47
<b>Tabela 5.4</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias fenotípica das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	48
<b>Tabela 5.5</b> - Estimativas de correlações fenotípica ( $r_P$ ), genética ( $r_A$ ) e ambiental ( $r_E$ ) entre as características analisadas, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	50
<b>Tabela 5.6</b> - Estimativas de ganho genético por geração, em valor absoluto e em relação à média, para as características em estudo, considerando diferentes números (n) de irmãos por família .....	55
<b>Tabela 5.7</b> - Tamanho da amostra (n), tempo de processamento ( $T_p$ ), número de verossimilhanças calculadas ( $N_v$ ) e número de iterações realizadas ( $N_i$ ), pelos algoritmos DF e AI .....	57
<b>Tabela 5.8</b> - Número total de aves (n), Média ( $\bar{X}$ ); Desvio-Padrão (S); Coeficiente de Variação (CV); Menor valor observado (Min) e Maior valor observado (Max) .....	58

<b>Tabela 5.9</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias genéticas das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	60
<b>Tabela 5.10</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias ambiental das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	60
<b>Tabela 5.11</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias fenotípica das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	61
<b>Tabela 5.12</b> - Estimativas de correlações fenotípica ( $r_P$ ), genética ( $r_A$ ) e ambiental ( $r_E$ ) entre as características analisadas, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	63
<b>Tabela 5.13</b> - Estimativas de ganho genético por geração, em valor absoluto e em relação à média, para as características em estudo, considerando diferentes números (n) de irmãs por família .....	70
<b>Tabela 5.14</b> – Redução no $r_{HI}$ original pela retirada de cada variável dos respectivos índices .....	71
<b>Tabela 5.15</b> - Tamanho da amostra (n), tempo de processamento ( $T_p$ ), número de verossimilhanças calculadas ( $N_v$ ) e número de iterações realizadas ( $N_i$ ), pelos algoritmos DF e AI .....	73
<b>Tabela 5.16</b> - Número total de aves (n), Média ( $\bar{X}$ ); Desvio-Padrão (S); Coeficiente de Variação (CV); Menor valor observado (Min) e Maior valor observado (Max) .....	74
<b>Tabela 5.17</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias genéticas das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	76

<b>Tabela 5.18</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias ambiental das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	76
<b>Tabela 5.19</b> - Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias fenotípica das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	77
<b>Tabela 5.20</b> - Estimativas de correlações fenotípica ( $r_P$ ), genética ( $r_A$ ) e ambiental ( $r_E$ ) entre as características analisadas, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI .....	79
<b>Tabela 5.21</b> - Estimativas de ganho genético por geração, em valor absoluto e em relação à média, para as características em estudo .....	85
<b>Tabela 5.22</b> – Redução no $r_{HI}$ original pela retirada de cada variável dos respectivos índices .....	87
<b>Tabela 5.23</b> - Tamanho da amostra ( $n$ ), tempo de processamento ( $T_p$ ), número de verossimilhanças calculadas ( $N_v$ ) e número de iterações realizadas ( $N_i$ ), pelos algoritmos DF e AI .....	88

## RESUMO

**VAYEGO, S. A.** Uso de modelos mistos na avaliação genética de linhagens de matrizes de frango de corte. Tese (Doutor em Genética) – Departamento de Genética. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2007. 99p.

Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos de algumas características produtivas em linhagens de matrizes de frango de corte, foram obtidas usando a metodologia de modelos mistos. Os dados de aproximadamente 140000 aves foram fornecidos pelo CNPSA/EMBRAPA. Na linhagem fêmea (PP) foram avaliadas as características de peso corporal aos 28 dias de idade (P28), peso corporal aos 42 dias de idade (P42), idade à maturidade sexual (IMS), produção de ovos acumulada até a 35<sup>a</sup> semana de idade (PD35) e até a 64<sup>a</sup> semana de idade (PD64) e na linhagem macho (TT) foram avaliadas as características de peso corporal aos 42 dias de idade (P42), comprimento de peito (CPeito), largura maior do peito (Larg1) e largura menor do peito (Larg2) aos 42 dias de idade. Os componentes de variância e covariância foram estimados através do programa DFREML, utilizando os algoritmos DFREML e AIREML. As estimativas de herdabilidade obtidas na linhagem TT, foram moderadas variando de 0,29 a 0,53, na PP foram de baixas a moderadas variando de 0,13 a 0,38. As correlações genéticas para a linhagem PP foram: 0,30 entre P28 e IMS; -0,23 entre P28 e PD35; -0,39 entre P28 e PD64; 0,24 entre P42 e IMS; -0,23 entre P42 e PD35; -0,28 entre P42 e PD64. Para TT foram: 0,68 entre P42 e CPeito; 0,65 entre P42 e Larg1; 0,48 entre P42 e Larg2. Visando estabelecer a melhor combinação entre as características estudadas, foram construídos índices de seleção para cada linhagem. O estudo da tendência genética das características indicou que progresso genético está sendo obtido.

**Palavras-chave:** modelos mistos, REML, matrizes de frango de corte, parâmetros genéticos, índices de seleção, tendência genética.

## ABSTRACT

**VAYEGO, S. A.** Use of mixed models for genetic evaluation of broiler breeder lines.

Estimates of genetic and phenotypic parameters of some productive traits in broiler breeder lines were obtained through mixed models methodology. The data from approximately 140000 birds were provided by CNPSA/EMBRAPA. In female line (PP) the following traits were evaluated: body weight at 28 days of age (P28), body weight at 42 days of age (P42), age at sexual maturity (IMS), egg production at 35 weeks of age (PD35) and egg production at 64 weeks of age (PD64), and in the sire line (TT): body weight at 42 days of age (P42), breast length (CPeito), greater breast width (Larg1) and smaller breast width (Larg2), both at 42 days of age. Estimates of variances and covariances were obtained using the software DFREML, which employs the algorithms DFREML and AIREML. The herdability estimates obtained for the TT line were moderate, in the range of 0,29 to 0,53; for the PP line they were low to moderate in the range of 0,13 to 0,38. The genetics correlations for the PP line were: 0,30 between P28 and IMS; -0,23 between P28 and PD35; -0,39 between P28 and PD64; 0,24 between P42 and IMS; -0,23 between P42 and PD35; -0,28 between P42 and PD64. For the TT line: 0,68 between P42 and CPeito; 0,65 between P42 and Larg1; and 0,48 between P42 and Larg2. In order to establish the best combination among the studied traits, selection indexes were built for each line. The study of the genetic trend of the traits indicated that genetic progress has been obtained.

**Key-words:** mixed models, REML, broilers breeder, genetic parameters, selection indexes, genetic trend.

## 1. INTRODUÇÃO

A avicultura é um dos componentes mais importantes do agronegócio mundial e nacional. Envolve a produção agrícola propriamente dita, as atividades ligadas ao suporte da produção e aquelas relacionadas tanto com o processo agroindustrial como o suporte do fluxo de produtos até a mesa do consumidor final.

O desenvolvimento da avicultura pode ser considerado como a síntese e o símbolo do crescimento e modernização do agronegócio no Brasil. Isto porque a atividade avícola reúne em sua estrutura funcional os três elementos mais importantes no cálculo econômico do capitalismo em sua configuração atual: tecnologia de ponta, eficiência na produção e diversificação no consumo.

Embora tenha sido iniciada por volta de 1930, a produção avícola em escala industrial, tal como existe hoje, iniciou-se praticamente em 1950, com o surgimento de várias inovações tecnológicas na área biológica e sanitária. Antes, a criação de aves restringia-se à criação de fundo de quintal, com baixos índices de produtividade, basicamente para consumo próprio. Os pequenos excedentes eram vendidos, abatidos ou vivos, nas feiras ou mercados centrais dos centros urbanos.

Com a superação de alguns impasses de natureza sanitária, que impediam a criação em grandes aglomerações, a atividade começou a despertar o interesse de grandes empresas, que passaram a investir pesadamente em pesquisa biológica para reduzir o ciclo produtivo e a relação custo/benefício.

A primeira experiência nacional com avicultura industrial foi realizada em 1960, no estado de Santa Catarina pela empresa Sadia. Com base na bem sucedida experiência americana, esta empresa introduziu no Brasil o sistema de integração vertical (a grande maioria via contratos), que garantia a produção dentro de padrões tecnológicos e de

qualidade definidos por meio do manejo supervisionado e do controle no suprimento dos insumos e também pela compra e distribuição do produto final.

A indústria avícola brasileira alcançou destaque no âmbito internacional consolidando-se como o segundo maior produtor e exportador mundial de carne de aves, somente sendo superada pelos Estados Unidos (PEREIRA, 1996).

A busca de genótipos mais produtivos e mais compatíveis com as condições ambientais prevalentes no país deve ser a preocupação dos programas de melhoramento animal. Para isso, é prioritário o estabelecimento de programas estáveis de ação, amparados com suportes financeiros adequados e maior conscientização dos criadores da necessidade de se aumentar a produção e a produtividade. No Brasil, existe uma diversidade de material genético, que facilita o trabalho de melhoramento, entretanto, a reprodução indiscriminada desse material sem um esquema de seleção adequado sofre com problemas resultantes da depressão por endogamia (MARTINS, 2002). Por isso é necessário intensificar processos de identificação dos genótipos superiores e multiplicação dos mesmos, através de programas coordenados de melhoramento animal (PEREIRA, 1996).

Em 1983 a EMBRAPA/CNPISA, iniciou seu programa, visando a formação de linhagens de aves comerciais para a produção de carne que, posteriormente tornou-se mais abrangente incluindo programas de linhagens para postura.

Segundo CARDELLINO e ROVIRA (1987), o objetivo do melhoramento genético é obter uma população com um genótipo superior para uma combinação de características de importância econômica. Isso pode ser alcançado aumentando a frequência dos alelos dos genes desejáveis na população (seleção) ou redistribuindo os alelos em combinações genotípicas mais produtivas (reprodução).

A seleção é a estratégia de melhoramento mais praticada, tendo como efeito básico a alteração das frequências alélicas nos locos que controlam a característica sob seleção, conduzindo à alteração na média genotípica da população na direção desejada pelo melhorista. Tem como objetivo o ganho genético sobre uma determinada característica ou um conjunto de características de interesse econômico. Entretanto, é necessário que o objetivo e o critério de seleção sejam bem definidos, para o programa de melhoramento genético animal funcionar.

O critério de seleção representa o conjunto de informações a respeito de uma característica ou conjunto de características em que a seleção se baseia, visando avaliar e ordenar os candidatos à seleção para a característica alvo do melhoramento.

Contudo, enquanto uma correta definição do objetivo da seleção depende de uma avaliação do produto de interesse e de informações econômicas desse produto, para a definição do critério de seleção são necessárias informações a respeito dos parâmetros

genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) e fenotípicos (correlações fenotípicas) associados às características envolvidas no melhoramento.

Estudos realizados pelo Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves (CNPISA) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), demonstram que 80% das melhorias ocorridas em linhagens de corte e postura de ovos no Brasil foram decorrentes do processo de seleção genética. Os trabalhos de melhoramento genético trouxeram impactos expressivos na dinâmica da produção através do aperfeiçoamento de características como ganho de peso, conversão alimentar e rendimento da carcaça. O melhoramento genético em aves permitiu a criação de linhagens altamente eficientes na conversão de rações. Em 1970, já se verificava a consolidação de níveis elevados de desempenho nos países líderes do setor, quando a taxa de conversão alimentar atingia 2Kg de ração para cada quilograma de frango vivo e idade de abate de sete semanas, bem diferentes dos números de 1930, que eram de 3,5Kg e quinze semanas, respectivamente (SANTINI, 2004).

A maior parte das características de valor econômico é de natureza poligênica, assim, em programas de melhoramento animal, os animais são avaliados através do seu desempenho (valor fenotípico). O valor fenotípico de uma determinada característica, medida no animal, é resultado do patrimônio genético (genótipo) que o animal possui somado aos efeitos do ambiente e aos efeitos da interação genótipo/ambiente. Isso significa que o valor fenotípico de um animal não demonstra diretamente o seu potencial genético, pois está sempre sofrendo influência do ambiente e da interação genótipo/ambiente (FALCONER, 1987).

O processo de avaliação genética dos animais envolve basicamente três etapas: estimação dos parâmetros genéticos, que exige o agrupamento dos indivíduos de acordo com o grau de parentesco entre si para obtenção dos componentes de variância fenotípica, genética e ambiental; classificação dos animais, tendo como base seus valores genéticos e a decisão sobre a rejeição ou manutenção do animal para reprodução.

Para a predição dos valores genéticos, é necessário o conhecimento das magnitudes das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas da característica avaliada ou de sua herdabilidade (CARNEIRO et al., 2004). Essas variâncias geralmente são desconhecidas tornando necessário, primeiro, estimar componentes de variância e depois predizer os valores genéticos de interesse num mesmo conjunto de dados (KENNEDY, 1981).

A estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as características usadas em seleção, assim como, a estimação da tendência genética dessas

características em linhagens de aves de corte, tem como objetivo orientar, conduzir e, até mesmo, avaliar a eficiência da seleção empregada, sendo aconselhável o monitoramento constante desses itens em programas de seleção.

Assim, o presente estudo se propõe realizar a estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos para algumas características de valor econômico em linhagens de matrizes de frango de corte.

## 2. OBJETIVOS

- ✓ Obter estimativas de componentes de variância e covariância através dos algoritmos DFREML e AIREML para algumas características de interesse econômico;
- ✓ Obter estimativas de herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas através dos algoritmos DFREML e AIREML para algumas características de interesse econômico e
- ✓ Obter estimativas de tendências genéticas e fenotípicas para algumas características de interesse econômico.

### **3. REVISÃO DE LITERATURA**

#### **3.1. GENÉTICA AVÍCOLA**

O predomínio de grandes empresas no mercado de genética avícola se deve às tecnologias empregadas na produção de linhagens, que trazem em seu perfil características que atendem às necessidades do mercado e da indústria. Linhagens adequadas ao nível tecnológico da cadeia, ao nível das técnicas de manejo e dos gostos do consumidor têm sido desenvolvidas.

No campo da genética avícola, o Brasil representa um grande mercado para a venda de aves melhoradas, sendo um grande importador de avós e matrizes, mantendo expressiva dependência da tecnologia genética estrangeira. Segundo estudo realizado pela CNPSA/EMBRAPA em 2001, a participação da variável material genético representa, aproximadamente, 8,3% do custo total da avicultura de corte. Em 2001, foram gastos cerca de R\$ 700 milhões com a compra de matrizes e a multiplicação de aves (SANTINI, 2004).

Na genética avícola, até pouco tempo o Brasil não tinha acesso a gerações de aves bisavós, as quais são de domínio das grandes multinacionais que desenvolvem a pesquisa genética. Em 2002, esse quadro começou a mudar com a vinda dessas aves trazidas ao país pela multinacional americana Cobb- Vantress. Segundo produtor e exportador mundial de carne de frango, o Brasil é um ponto estratégico para as empresas de genética avícola, principalmente para duas gigantes do setor Cobb-Vantress e Ross Breeders, que basicamente, dividem entre si o mercado. Ademais, o Brasil já exporta genética melhorada de frango (SANTINI, 2004).

A EMBRAPA utiliza como principais técnicas de produção, o processo clássico de melhoramento genético (genética quantitativa, trabalhando as informações da linhagem do indivíduo), o controle de carne nas carcaças e o controle de doenças.

Na área de genética animal, desde 1983, a EMBRAPA desenvolve o programa completo (linhas puras, bisavozeiros, avoseiros e matrizeiros) para produtos de corte e postura, e mantém o programa voltado a pequenos e médio produtores, e cooperativas, utilizando-se de técnicas de genética quantitativa.

Os Bisavozeiros ou Granjas de Bisavós são produtores de ovos férteis e aves de um dia para a produção de avós. Devido à necessidade de ganhos genéticos cumulativos e de grande número de aves para a seleção, além do grande número de galinhas para produzir os ovos, as linhas puras são reproduzidas em várias incubações, em geral, quinzenalmente. Os produtos nascidos, são da mesma constituição das linhas puras e selecionadas dentro da linha, transformando-se em Bisavós. As Avozeiras ou Granjas de Avós são produtoras de ovos férteis e aves de um dia para a produção de matrizes. Do acasalamento das bisavós dentro de linha geram-se os galos nas linhas de macho e as galinhas nas linhas de fêmeas que serão os pais das matrizes e portanto chamados de avós. As Matrizeiras ou Granjas de Matrizes trabalham com a reprodução das aves, tendo como produto final os híbridos (pintinhos de um dia) que serão vendidos aos criadores comerciais de frango de corte ou de galinha de postura (FIGUEIREDO, 2003).

Para a produção de frango de corte, tanto os machos como as fêmeas são aproveitadas e, para a postura de ovos somente as fêmeas são utilizadas e os machos descartados. O período de criação da ave dura, aproximadamente, 11 meses e o da engorda, 41 dias (SANTINI, 2004).

A Figura 3.1, ilustra o esquema de produção de frangos de corte utilizando duas linhas paternas (A e B) e duas linhas maternas (C e D), bem como a composição por geração num programa de genética de aves de corte, da EMBRAPA, para abastecer o país (FIGUEIREDO et al., 2000).

	Linhas Paternas				Linhas Maternas			
Linhas Puras	Linha A		Linha B		Linha C		Linha D	
	(M=367 e F=1.223)		(M=1.223 e F=4.075)		(M=735 e F=2.450)		(M=763 e F=6.100)	
Bisavós	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
	(M=902)	(F=3.004)	(M=3.004)	(F=10.012)	(M=1.600)	(F=5.340)	(M=5.350)	(F=17.800)
Avós	Macho A		Fêmea B		Macho C		Fêmea D	
	(M=60.075)		(F=200.250)		(M=133.500)		(F=445.000)	
Matrizes	Macho AB				Fêmea CD			
	(M=4.005.000)				(F=22.250.000)			
Frangos	ABCD							
	(M e F=3.000.750.000)							

Figura 3.1 – Esquema e composição por geração da produção de frango de corte

Os principais produtos representantes da EMBRAPA são os EMBRAPA 021 e EMBRAPA 041, para aves de corte, e os EMBRAPA 011, EMBRAPA 031 e EMBRAPA 051, para aves de postura.

São cinco matrizes comercializadas diretamente aos clientes (pequenos e médios produtores e cooperativas), mas totalizando vinte e cinco fases (linhagens puras, bisavós, avós, matrizes e aves comerciais), por parte da EMPRABA. Em relação às aves de postura, a EMBRAPA vem trabalhando para aumentar o tamanho dos ovos e a produtividade da galinha, além do consumo de ração.

De acordo com FIGUEIREDO (2005) a utilização de uma ou duas linhas paternas e duas linhas maternas foram importantes por permitir melhorar características antagônicas, como por exemplo produção de ovos e peso corporal juvenil. A seleção direta e a resposta correlacionada, principalmente para as características de adaptação, foram importantes nos programas de seleção pois, os problemas de ascite, discondroplasia tibial, infertilidade, mortalidade embrionária e qualidade de carne teriam inviabilizado a produção de frangos com alto desempenho. Ainda segundo o autor, essa evolução teve com um dos pilares o melhoramento genético acompanhado do desenvolvimento dos métodos de criação, nutrição, instalação, etc.

Na seleção das linhas paternas enfatiza-se as características de peso corporal, conversão alimentar, viabilidade geral e específica, rendimento de carcaça, rendimento de peito, gordura na carcaça, empenamento e ausência de defeitos. Nas linhas maternas, são enfatizadas as características de viabilidade geral e específica, fertilidade, eclodibilidade, produção de ovos incubáveis, empenamento e ausência de defeitos.

Algumas respostas correlacionadas à seleção para alta taxa de crescimento, como deposição excessiva de gordura, problemas de fraqueza de pernas e ascite, que é uma demonstração de que o sistema circulatório da ave nem sempre suporta a grande massa corporal que possui, tornou-se uma realidade. Os geneticistas tiveram que encontrar formas para lidar com estes problemas, assim como com os relacionados à reprodução. Recentemente, a resistência geral a doenças é uma meta muito procurada, mas sua seleção é difícil no ambiente da maioria dos lotes de avós, porque tendem a estar livres das doenças mais comuns. Uma exceção a algumas destas restrições foi a seleção para resistência à doença de Marek. Antes da introdução de vacinas que fornecem proteção, várias empresas adotaram estratégias de exposição controlada em locais remotos para identificar linhagens e famílias resistentes. Geralmente, pode ser encontrada resistência genética a doenças específicas, mas permanece a questão se a seleção para esta resistência tem de fato valor econômico.

### **3.2. CRITÉRIOS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO ANIMAL**

Segundo CARDELLINO e ROVIRA (1987), o critério de seleção é o conjunto de informações que são utilizadas para estimar o valor genético dos indivíduos a se selecionados. De acordo com o critério de seleção, se definem, diferentes métodos de seleção:

- (1) critério o fenótipo individual  $\Rightarrow$  método a seleção fenotípica individual;
- (2) critério o fenótipo de um grupo de filhos  $\Rightarrow$  método a seleção por progênie;
- (3) critério o fenótipo de um grupo de irmãos  $\Rightarrow$  método a seleção por irmãos;
- (4) critério o fenótipo de um grupo de meio irmãos  $\Rightarrow$  método a seleção por meio irmãos;
- (5) critério o fenótipo de antepassados  $\Rightarrow$  método a seleção por pedigree.

O critério de seleção pode ser composto por uma ou mais características medidas no indivíduo ou em seus familiares e não é necessariamente igual ao objetivo da seleção.

De acordo com RESENDE e ROSA-PEREZ (2001), combinando o critério e o objetivo da seleção, pelo menos quatro situações podem ser definidas:

(1) objetivo da seleção ser uma única característica e o critério de seleção ser a mesma característica (seleção direta);

(2) objetivo da seleção ser uma única característica e o critério de seleção ser outra característica (seleção indireta);

(3) objetivo da seleção ser uma única característica e o critério de seleção ser baseado em uma combinação de várias características (seleção empregando características auxiliares ao melhoramento);

(4) objetivo da seleção ser um conjunto de características e o critério de seleção ser baseado em uma combinação dessas várias características (índices de seleção).

### 3.3. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA

De acordo com KENNEDY (1981), os componentes de variância e covariância genética aditiva e fenotípica, geralmente são desconhecidos, sendo necessário antes estimá-los para depois predizer os parâmetros genéticos e fenotípicos de interesse.

Para que estes componentes tenham estimativas fidedignas, de alta precisão e acurácia, os estimadores devem apresentar as seguintes propriedades:

(1) não vício, tal que a esperança matemática do estimador seja o próprio parâmetro;

(2) consistência, tal que, com o aumento do tamanho da amostra, a esperança do estimador convirja para o parâmetro e a variância do estimador convirja para zero. O aumento da acurácia de uma estimativa está relacionado com o aumento do tamanho da amostra;

(3) eficiência, tal que o estimador apresente variância mínima;

(4) suficiência, tal que o estimador condense ao máximo possível à informação contida na amostra e não seja função (dependente) do parâmetro;

(5) completitude, que está ligada à unicidade do estimador;

(6) invariância à translação, tal que a estimação dos componentes de variância não seja afetada por mudanças nos efeitos fixos.

Existem diversos métodos para estimar componentes de variância: Métodos I, II e III de Henderson (Henderson, 1953), Método de Estimação Quadrática Não-Viesada de Norma Mínima - MIINQUE (RAO, 1970 e 1971a), Método de Estimação Quadrática Não-Viesada de Variância Mínima - MIVQUE (RAO, 1971b), Método da Máxima Verossimilhança - ML (HARTLEY e RAO, 1967) e Método da Máxima Verossimilhança Restrita - REML: Restricted Maximum Likelihood (PATTERSON e THOMPSON, 1971).

Os métodos I, II e III de HENDERSON (1953) permitem que se trabalhe com um certo grau de desbalanceamento dos dados e se reduzem à usual análise de variância em caso de dados balanceados (RESENDE, 1999). Esses métodos geralmente levam a obtenção de estimativas tendenciosas em dados obtidos de programas de melhoramento, pois se baseiam na suposição da amostragem aleatória, que dificilmente ocorre nesses programas.

O método da Máxima Verossimilhança (ML) baseia-se na obtenção do ponto de máximo de uma função de verossimilhança (função densidade de probabilidade conjunta dos pontos amostrais), por meio da derivação dessa função em relação ao parâmetro de interesse. Conceitualmente os estimadores ML são muito simples. Dado um modelo de análise, os parâmetros a serem estimados e um conjunto de informações com uma distribuição específica, pode ser calculada a verossimilhança de valores numéricos dos parâmetros. Estimadores ML são, por definição, os valores dos parâmetros para os quais a função de verossimilhança é maximizada.

Estimadores ML são consistentes, assintoticamente normais e eficientes, isto é, toda informação disponível é utilizada da melhor forma e, podem ser usados em casos onde não é possível usar modelos ANOVA (HARVILLE, 1977).

A principal desvantagem do método ML em modelos mistos é que os efeitos fixos são tratados como se fossem conhecidos, isso é, a perda de graus de liberdade devido ao ajuste desses efeitos é ignorada. Se o modelo apresentar muitos efeitos fixos, seus estimadores serão viciados, podendo subestimar variâncias residuais, apesar de fornecerem estimativas não negativas dos componentes de variância (SHAW, 1987).

PATTERSON e THOMPSON (1971), apresentaram uma correção para o método ML, eliminando o seu vício. Apenas a porção da verossimilhança que é independente dos efeitos fixos é maximizada no Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). Conceitualmente, isso é obtido pela substituição dos dados por funções lineares destes, com esperança matemática nula. Assim, os dados podem ser vistos como observações ajustadas para estimativas de mínimos quadrados generalizados dos efeitos fixos (MEYER, 1989). Deste modo, o REML mantém todas as propriedades do ML, é não viciado e permite a imposição de restrições de não negatividade, o que o torna ideal para estimar componentes de variância com dados desbalanceados (LOPES et al., 1993).

O REML consiste em maximizar a função densidade de probabilidade das observações, em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância dos efeitos aleatórios do modelo. Cada observação é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra aos aleatórios, de maneira que a função densidade de probabilidade das observações é dada pela soma das funções densidade de probabilidade de cada parte.

O uso dos métodos de máxima verossimilhança tem sido estimulado, em análises de dados de reprodução animal através do Modelo Animal (AM), pois são consideravelmente menos viesados pela seleção que seus correspondentes de ANOVA (MEYER e THOMPSON, 1984). Nesses métodos, é necessário que todas as informações que tenham contribuído para a seleção sejam incluídas na análise, a menos que essas informações não sejam correlacionadas com a característica sob análise. De maneira geral, argumentos teóricos e evidências indicam que inferências pontuais realizadas a partir de funções de verossimilhança não são afetadas por algumas formas de seleção (GIANOLA et al., 1989 apud RESENDE e ROSA-PEREZ, 2001). Isto fez com que o método REML se tornasse padrão para a estimação de componentes de variância em programas de melhoramento genético.

O método REML elimina o vício atribuído à mudança nas frequências alélicas pela seleção, por meio do uso da matriz de parentesco completa ( $A$ ), tornando possível a obtenção de componentes de variância para uma população-base não selecionada e a predição de valores genéticos de indivíduos de qualquer geração é realizada com precisão. O uso da matriz  $A$  completa leva em consideração as alterações na variância genética causadas pela endogamia e pelo desequilíbrio de ligação, as resultantes da seleção (KENNEDY e SORENSEN, 1988) e a tendência genética ou ganho genético realizado (RESENDE e ROSA-PEREZ, 2001).

Os métodos REML e ML são adequados a modelos lineares, que pressupõem a normalidade dos dados para que os estimadores tenham as propriedades desejáveis. Mas, de acordo com HARVILLE (1977), tais estimadores podem ser robustos aos desvios da normalidade, gerando estimativas razoáveis mesmo quando a forma da distribuição não é especificada.

SMITH et al. (1991), após compararem quatro métodos de estimação de componentes de variância: o método III de Henderson, o método ML, o método REML e o método MIVQUE, concluíram que os procedimentos de verossimilhança (ML e REML) apresentam maior eficiência para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para dados desbalanceados. Assim, esses métodos são os mais indicados em programas de melhoramento genético animal, dado que, o melhoramento genético animal geralmente tem como base a análise de dados coletados em vários rebanhos, em diferentes grupos de animais, em vários anos e em diferentes locais, como fazendas, granjas e centros de pesquisa, contribuindo para o desbalanceamento dos mesmos (CARNEIRO Jr. et al., 2004). BEAUMONT (1991), usando dados simulados para características reprodutivas em aves, afirmou que o método REML é mais eficiente que o método I de Henderson nas seguintes situações: quando ocorre seleção seqüencial,

quando muitas características são consideradas simultaneamente e quando a herdabilidade é baixa.

Tanto o método ML como o REML, requerem solução iterativa pela não linearidade das equações, o que dificulta a derivação de estimadores explícitos. Assim, os componentes de variância interagem nas equações de modelo misto do melhor preditor não-viesado (BLUP: Best Linear Unbiased Predictor) até a convergência para um valor adequado.

### **3.4. PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS**

Dependendo das características envolvidas na avaliação genética e da estrutura dos dados, diferentes modelos são utilizados para a predição dos valores genéticos dos indivíduos (MARTINS et al., 1997). Existem três classes de preditores (Henderson, 1984; QUAAS, 1984 e ELZO, 1989), que são definidas como Melhor Preditor (BP: Best Predictor), Melhor Preditor Linear (BLP: Best Linear Predictor) e Melhor Preditor Linear Não-Viesado (BLUP: Best Linear Unbiased Predictor), sendo este o preditor mais utilizado pelos melhoristas para a predição dos valores genéticos dos animais tendo em vista a seleção (MARTINS et al., 1997).

O preditor BP deve ser utilizado naquelas situações em que as informações associadas a todos os indivíduos candidatos à seleção são precisas e se apresentam em quantidades iguais, e quando os componentes de médias e de variâncias são conhecidos ou podem ser estimados com precisão pelo método de quadrados mínimos ordinários (OLS).

O preditor BLP deve ser aplicado quando existirem diferentes quantidades e/ou imprecisão das informações associadas aos indivíduos candidatos à seleção e quando os componentes de médias e de variâncias são conhecidos ou podem ser estimados com precisão pelo método de quadrados mínimos ordinários (OLS).

O preditor BLUP deve ser utilizado em situações de diferentes quantidades e/ou precisões das informações associadas aos indivíduos candidatos à seleção, de componentes de variância conhecidos e componentes de médias não estimados com precisão pelo método de quadrados mínimos ordinários (OLS).

O BLUP estima os componentes de médias pelo método de quadrados mínimos generalizados (GLS) e fornece os mesmos resultados que os preditores BP e BLP, quando aplicado em situações adequadas a estes. Assim, o BLUP torna-se o preditor ideal independentemente da situação.

Alguns autores dizem que o BLP é um BLUP aproximado que pode ser empregado em situações intermediárias aos casos completamente balanceado e muito desbalanceado. Neste caso, o desbalanceamento é levado em consideração quanto às diferentes precisões e número de observações associadas aos diferentes candidatos à seleção, mas não na estimação dos componentes de médias (efeitos fixos), fato que torna o BLP viciado (RESENDE, 1999).

A metodologia de modelos mistos, para a obtenção da melhor predição linear não-viesada (BLUP) dos valores genéticos dos animais, proposta por HENDERSON (1963, 1973 e 1974), envolve todos os indivíduos identificados na estrutura genealógica da população para estabelecer os relacionamentos genéticos. Por essa razão, sua aplicação a grandes volumes de dados acarreta alto custo computacional. Essa dificuldade motivou o desenvolvimento de modelos específicos para aplicação a determinadas características e estruturas de dados: Modelo Animal, Modelo Animal Equivalente e Modelo Animal Reduzido (MARTINS et al., 1997).

O processo de predição de valores genéticos é também denominado, “avaliação genética”, cujo procedimento ideal atualmente é o AM-BLUP (Melhor Preditor Linear Não Viciado – Modelo Animal) ou BLUP individual (GIANOLA et al., 1990).

O AM-BLUP apresenta vantagens práticas adicionais em relação aos métodos de seleção empregados no passado. Permite a melhor análise de dados envolvendo múltiplas gerações, resultantes de programas de seleção (SORENSEN e KENNEDY, 1986 e KENNEDY, 1988). Em termos de estimação dos componentes de variância, o Modelo Animal (AM) mudou a forma de pensar na interpretação da covariância entre parentes para a estrutura de modelo linear, onde se determinam variâncias diretamente pelo ajustamento correspondente aos efeitos aleatórios do modelo de análise. As covariâncias entre os efeitos aleatórios para parentes são levadas em conta através da especificação da matriz de variâncias dos efeitos aleatórios. A variância genética aditiva, com o MA, agora é estimada como a variância do mérito genético aditivo dos animais. Da mesma forma, os componentes genéticos não-aditivos podem ser estimados pelo ajustamento de um efeito aleatório correspondente, como a dominância ou efeito genético materno, para cada animal.

Deste modo, os programas de melhoramento podem se basear em dados obtidos das próprias explorações comerciais, sem haver a necessidade de se empregar estruturas rígidas de experimentação (RESENDE e ROSA-PEREZ, 2001). Segundo CARABAÑO e DÍAZ (1995), essa flexibilidade de aplicação da metodologia propicia o estabelecimento de programas nacionais de melhoramento, em que animais avaliados em diferentes rebanhos e condições ambientais podem ser comparados. Além disso, o

uso da matriz de parentesco, permite a comparação de indivíduos de diferentes gerações.

De acordo com RESENDE e ROSA-PEREZ (2001), as principais vantagens do uso do método de modelos mistos (REML/BLUP) na simultânea estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são que: (a) pode ser aplicado a dados desbalanceados; (b) não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; (c) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de vários experimentos, gerando estimativas precisas; (d) corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não viciada os valores genéticos, conduzindo à maximização do ganho genético com seleção.

Uma desvantagem pode ser observada se a característica selecionada apresentar herdabilidade baixa, nesse caso, o método atribui às informações de família maior peso, fazendo com que ocorra a seleção de maior número de indivíduos pertencentes a menor número de famílias, o que reduz o tamanho efetivo da população. Segundo MARTINS (2002), este problema pode ser minimizado omitindo a ascendência das matrizes, restringindo as informações de família, pois, deste modo, o método atribui maior peso às informações individuais. Em situações onde o conhecimento da genealogia dos indivíduos exigida para a aplicação do modelo animal é dificultado, o uso de seleção individual é mais utilizado, resultando em ganhos genéticos menores do que os que poderiam ser alcançados.

### **3.5. ALGORITMOS PARA MAXIMIZAÇÃO DA FUNÇÃO DE VEROSSIMILHANÇA**

Vários algoritmos computacionais são empregados na área de genética quantitativa, para a maximização da função de verossimilhança: o MS (Fisher's Method of Scoring), o EM (Expectation – Maximization, de DEMPSTER et al., 1977) e o DFREML (Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood, de GRASER et al., 1987).

O algoritmo EM atua na obtenção da esperança (por interação) e maximização (derivação) da função de verossimilhança dos dados, sucessivamente. Em modelos animais, onde geralmente a ordem das equações de modelo misto excede o número de observações, a obtenção de estimativas através de primeira derivada pelo método EM requer a inversão da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto (MME), aumentando muito o esforço computacional (RESENDE, 1999).

Tendo como objetivo contornar essa situação, GRASER et al. (1987) propuseram um algoritmo para maximização do logaritmo da função de verossimilhança através de sucessivas avaliações da função, partindo de valores atribuídos aos componentes de

variância. Deste modo, o máximo relativo aos componentes de variância é encontrado por um processo de procura direta, sem requerer a inversão da matriz dos coeficientes. Justamente por não envolver a derivação da função densidade de probabilidade, em relação aos componentes de variância, para o estabelecimento do sistema de equações a ser utilizado no processo iterativo, o algoritmo foi denominado DFREML (RESENDE, 1999).

Na década de 90, um novo algoritmo, denominado AIREML (Average Information REML) foi desenvolvido (GILMOUR et al., 1995; JOHNSON e THOMPSON, 1995; MEYER, 1997) e, desde então, o algoritmo AI (que é um procedimento derivativo melhorado) tem sido muito utilizado. Segundo JOHNSON e THOMPSON (1995), o algoritmo DF tem propriedades numéricas pobres e apresenta soluções com baixa acurácia nos dígitos significativos, o que é um problema quando vários componentes de variância são estimados. Embora o algoritmo AI apresente tempo por iteração de duas a três vezes superior que o requerido pelo algoritmo DF, é mais competitivo, pois converge em menos de 10 iterações, tornando o tempo final para a convergência muito menor.

### **3.6. PROGRAMAS COMPUTACIONAIS**

A disponibilidade de programas computacionais, destinados à estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, tais como MTDFREML, DFREML, VCE/PEST e ASREML, facilitou um pouco o trabalho do melhorista.

O primeiro foi implementado em 1987/1988 e recebeu o nome de DFREML (versão 1.0), de MEYER (1988). Em 1991 foi implementado o DFREML (versão 2.0) e em 1993 foram lançados os softwares MTDFREML (BOLDMAN et al., 1993) e VCE (GROENEVELD et al., 1993 apud RESENDE, 1999), todos empregando o algoritmo DF. Em 1995, foi lançado o software ASREML (GILMOUR et al., 1998) que utiliza o algoritmo AIREML. Em 1997 foi lançado o DFREML (versão 3.0  $\alpha$ ) e em 1998 o DFREML (versão 3.0  $\beta$ ) de MEYER (1988), que utilizam tanto o algoritmo DF quanto o AI. Os softwares mais complexos são o DFREML e o MTDFREML (MISZTAL, 1994), sendo que o DFREML (versão 3.0) representa melhor o estado da arte dos algoritmos computacionais desenvolvidos para obtenção de estimativas REML, já que inclui o algoritmo AI, e, adicionalmente, contempla a técnica da regressão aleatória/funções de covariância. (RESENDE, 1999).

### 3.7. HERDABILIDADES

A herdabilidade ( $h^2$ ) constitui a expressão da proporção da variância total que é atribuível aos efeitos médios aditivos dos genes, isto é, à variância genética aditiva (FALCONER, 1987). Tem como principal função expressar a confiança que se pode ter no valor fenotípico de um animal como guia para predizer seu valor genético aditivo. (CARDELLINO e ROVIRA, 1987). É o parâmetro genético de maior importância, pois é fundamental na predição do valor genético do animal, na formulação da estratégia a ser usada em melhoramento e na predição da resposta esperada à seleção. Características com herdabilidades de moderada a alta respondem melhor à seleção (PEREIRA, 1996).

Quando a herdabilidade é baixa, significa que grande parte da variação da característica é devida às diferenças de ambiente entre os indivíduos ou que a correlação entre genótipo e o fenótipo é pequena; quando alta, significa que diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis, em grande parte, pela variação na característica, ou que a correlação entre o genótipo e o fenótipo é alta e, portanto, a observação do fenótipo constitui indicação segura do valor genético do indivíduo. A herdabilidade pode variar de 0,0 a 1,00 ou de 0% a 100%. Quando a herdabilidade for de 0,0 a 0,20, é considerada baixa; de 0,20 a 0,40, média; e acima de 0,40, alta (CARDELLINO e ROVIRA, 1987).

Se uma característica é fortemente influenciada por variações das condições de ambiente, a herdabilidade da característica será baixa em uma população na qual as condições de ambiente sofrem grandes variações. Por outro lado, a mesma característica em condições de ambiente mais estáveis pode apresentar valores de herdabilidade mais elevados.

Na literatura podem ser encontradas estimativas de herdabilidades para características de desempenho e produção em linhagens de frangos de corte. A maior parte dos trabalhos se baseia na semelhança genética entre parentes. Os parâmetros podem ser estimados através da correlação entre informações de progênie (entre meio-irmãos ou irmãos-inteiros), ou através da regressão de informações entre progenitor – progênie. Mais modernamente, o sistema de avaliação genética AM-BLUP, passou a ser utilizado pelos melhoristas.

Segundo CARDELLINO e ROVIRA (1987), estimativas de herdabilidade para a característica peso corporal podem variar entre 0,30 e 0,50. Valores entre 0,12 e 0,56, foram encontrados para peso corporal aos 28 dias de idade (LEDUR et al., 1992; MALLIK et al., 2003 e KUMAR, 2004). Para peso corporal aos 35 dias de idade, estimativas entre 0,28 a 0,63 foram relatadas por LEDUR et al. (1992); KUHLEERS e MCDANIEL (1996); LOPES e QUAAS (1997) e ARGENTÃO et al. (2002). Estimativas de herdabilidade para

peso aos 42 dias de idade variando entre 0,23 e 0,56 foram encontradas por LEDUR et al. (1992 e 1994); SCHMIDT et al. (1992); SINGH e TREHAN (1994); ARGENTÃO et al. (2002); RANCE et al. (2002); KUMAR et al. (2002); AZEVEDO Jr et al. (2002) e MALLIK et al. (2003).

Estimativas de herdabilidade para a característica idade à maturidade sexual podem variar de 0,20 a 0,40, de acordo com CARDELLINO e ROVIRA (1987). Valores entre 0,18 e 0,63 foram relatados por DANBARO et al. (1995); CUSTÓDIO (1997); SCHMIDT et al. (1997) e SINGH et al. (1999, 2000 e 2001).

CARDELLINO e ROVIRA (1987), após consultar vasta literatura, encontraram herdabilidades para a característica produção de ovos por dia variando entre 0,15 e 0,30. Estimativas para a característica produção de ovos até a 40ª semana de idade variando entre 0,25 e 0,34, foram encontradas por LEDUR et al. (1994); LOPES e QUAAS (1997); SCHMIDT et al. (1997) e SINGH et al. (1999).

### **3.8. CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS**

A correlação genética entre duas características é a correlação entre os efeitos dos genes que as influenciam (PIRCHNER, 1983). Ela representa a correlação entre os valores genéticos de um indivíduo para as características em consideração. Esta correlação será positiva, quando as características desenvolvem-se no mesmo sentido, seja aumentando ou diminuindo seus valores; será negativa quando as características tomarem sentidos opostos. Segundo CARDELLINO e ROVIRA (1987) o conhecimento da correlação genética torna-se fundamental em trabalhos de melhoramento quando a seleção de uma determinada característica é dificultada em razão da baixa herdabilidade ou da impossibilidade de mensuração ou identificação dos animais. A importância do estudo das correlações está no fato de que a seleção para uma determinada característica pode causar resposta em outra geneticamente relacionada. O coeficiente de correlação fenotípica é o coeficiente de correlação entre os valores fenotípicos do indivíduo para as duas características.

Como a seleção em frangos de corte ocorre para várias características simultaneamente, torna-se necessário conhecer a relação entre as características de interesse (WANG et al., 1991)

Na literatura podem ser encontradas algumas citações sobre as estimativas de correlações genéticas entre características de desempenho e produção em linhagens de frangos de corte. LEDUR et al. (1994) relatam estimativas de correlação genética e fenotípica entre peso corporal aos 42 dias de idade e produção de ovos até a 40ª semana

de idade variando de -0,26 a 0,00 e -0,06 a 0,03, respectivamente. LOPES e QUAAS (1997) encontraram o valor 0,08 para a estimativa de correlação genética entre peso corporal aos 35 dias de idade e produção de ovos até a 40<sup>a</sup> semana. SCHMIDT et al. (1997) e SINGH et al. (1999) relatam estimativas de correlação genética entre idade à maturidade sexual e produção de ovos até a 40<sup>a</sup> semana de idade de -0,74 e -0,017, respectivamente. Correlações genéticas e fenotípicas, positivas, entre peso corporal à maturidade sexual e idade à maturidade sexual foram encontradas por KUMAR et al. (2001). SINGH et al. (1999) encontraram correlação genética positiva entre produção de ovos e peso corporal à 20<sup>a</sup> semana de idade e negativa entre produção de ovos e idade à maturidade sexual.

## **4. MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1. ORIGEM DO MATERIAL EXPERIMENTAL**

Foram utilizados dados de frangos de corte, do Banco Ativo de Germoplasma para Aves de Corte, do Centro Nacional de Pesquisas em Suínos e Aves - CNPSA/EMBRAPA – Concórdia/SC. Este banco tem como objetivo manter sob seleção as linhagens puras de frango de corte que dão origem aos produtos EMBRAPA 021 e EMBRAPA 041 e mais as linhagens de controle de interesse para pesquisa em genética e melhoramento de aves. São mantidas sob controle três linhagens de fêmea e duas linhagens de macho, além de duas linhagens de controle.

No geral, as características consideradas na avaliação são as de crescimento, consumo, produção e rendimento de carne, produção de ovos e reprodução.

O banco de dados, da linhagem fêmea, concedido pela Empresa é composto por informações de 93828 animais de dezesseis gerações de aves e, o da linhagem macho contém informações de 46517 animais de onze gerações. Cada geração apresenta 2 ou 3 incubações.

Neste trabalho foram utilizados dados da linhagem fêmea PP e da linhagem macho TT. A linhagem fêmea foi dividida em dois grupos: no primeiro grupo (GRUPO I), contendo fêmeas nascidas entre 1992 e 1996, foram avaliadas as características de peso corporal aos 28 dias de idade (P28), idade à maturidade sexual (IMS), produção de ovos acumulada até a 35<sup>a</sup> semana de idade (PD35) e produção de ovos acumulada até a 64<sup>a</sup> semana de idade (PD64) e no segundo grupo (GRUPO II), contendo fêmeas nascidas entre 1998 e 2003, foram avaliadas as características de peso corporal aos 42 dias de idade (P42), idade à maturidade sexual (IMS), produção de ovos acumulada até a 35<sup>a</sup> semana de idade (PD35) e produção de ovos acumulada até a 64<sup>a</sup> semanas de idade

(PD64). Na linhagem macho foram avaliadas as características de peso corporal aos 42 dias de idade (P42), comprimento de peito (CPeito) aos 42 dias de idade, largura maior do peito (Larg1) aos 42 dias de idade e largura menor do peito (Larg2) aos 42 dias de idade.

## 4.2. ANÁLISE DESCRITIVA

Após a manipulação dos dados, aves com identificação confusa, sem nenhuma informação ou informações duplicadas foram identificadas e removidas do banco de dados. Frequentemente, informações de qualidade duvidosa, consistem em erros no momento da coleta dos dados ou digitação dos mesmos.

O cálculo das médias, desvios-padrão, coeficientes de variação, valores mínimo e máximo de cada característica foram realizados através do programa MICROSOFT EXCEL.

## 4.3. AVALIAÇÃO GENÉTICA

Para a estimação dos componentes de variância e covariância foi utilizado o programa DFREML (Derivative-Free restricted Maximum Likelihood – versão 3.0), desenvolvido por MEYER (1988), que emprega o AM-BLUP, através do pacote DXMUX. Foram feitas análise uni e bi-características usando os algoritmos DFREML e AIREML.

O pacote DXMUX exige que se trabalhe com um arquivo de pedigree e um arquivo de dados.

A seqüência usada das informações no arquivo de dados, tanto na análise uni-característica como bi-características, foi

variável      indivíduo      pai      mãe      efeito fixo      valor característica

A seqüência usada das informações no arquivo de pedigree, tanto na análise uni-característica como bi-características, foi:

indivíduo      pai      mãe

Nas análises da linhagem macho, a coluna referente à informação de mãe foi substituída por uma coluna de zeros, devido a não haver tal registro.

Em todos os casos, foi considerada como efeito fixo a informação sobre incubação.

Na análise uni-característica, da linhagem fêmea, o Teste da Razão de Verossimilhança foi executado para verificar qual modelo melhor descrevia os dados: modelo animal ou modelo animal com efeito materno.

#### 4.3.1. MODELO ANIMAL

O modelo animal é um modelo linear misto (SEARLE, 1987), associado à avaliação genética de um animal.

A equação matemática genérica do modelo animal é dada por:

$$y_{ij} = \beta_i + u_{ij} + e_{ij},$$

onde

$y_{ij}$ : é o valor observado do j-ésimo animal sob o i-ésimo efeito fixo da característica em estudo, com  $j = 1, 2, \dots, n$  e  $i = 1, 2, \dots, p$ ;

$\beta_i$ : é o i-ésimo efeito fixo, com  $i = 1, 2, \dots, p$ ;

$u_{ij}$ : é o j-ésimo efeito aleatório (efeito genético aditivo dos animais) sob o i-ésimo efeito fixo, com  $j = 1, 2, \dots, n$  e  $i = 1, 2, \dots, p$ ;

$e_{ij}$ : é o erro aleatório referente a j-ésima observação sob o i-ésimo efeito fixo.

As seguintes pressuposições são definidas:

$E(u_{ij}) = 0$ ,  $E(e_{ij}) = 0$ ,  $\text{Var}(u_{ij}) = \sigma_A^2$ ,  $\text{Var}(e_{ij}) = \sigma_e^2$ , com  $u_{ij}$  e  $e_{ij}$  normais e independentes.

Deste modo, tem que:

$E(y_{ij}) = \beta_i$ ,  $\text{Var}(y_{ij}) = \sigma_A^2 + \sigma_e^2$ ,  $\text{Cov}(y_{ij}, u_{ij}) = \sigma_A^2$ .

Conseqüentemente,

$$\begin{bmatrix} y_{ij} \\ u_{ij} \\ e_{ij} \end{bmatrix} \sim N \left[ \begin{bmatrix} \beta_i \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} \sigma_A^2 + \sigma_e^2 & \sigma_A^2 & \sigma_e^2 \\ \sigma_A^2 & \sigma_A^2 & 0 \\ \sigma_e^2 & 0 & \sigma_e^2 \end{bmatrix} \right]$$

A forma matricial do modelo animal simples aqui considerado é:

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{\beta} + Z \underset{\sim}{u} + \underset{\sim}{e}$$

onde

$\tilde{y}$ : é o vetor (nx1) de observações da característica em estudo, sendo n o número de animais em avaliação;

$\tilde{\beta}$ : é o vetor (px1) de efeitos fixos, sendo p o número de efeitos fixos;

X: é a matriz (nxp) de incidência de efeitos fixos, associando elementos de  $\tilde{\beta}$  a  $\tilde{y}$ ;

$\tilde{u}$ : é o vetor (nx1) de efeitos aleatórios (efeitos genéticos aditivos dos animais);

Z: é uma matriz diagonal (nxn) de incidência de efeitos aleatórios, constituída de "1" ou "0", na diagonal principal, dependendo se a característica foi medida ou não, no animal;

$\tilde{e}$ : é o vetor (nx1) de variáveis aleatórias não observáveis, dito vetor de erros aleatórios.

O modelo em sua forma matricial reúne as suposições da amostra, inclusive às relações entre as várias unidades. Os vetores  $\tilde{u}$  e  $\tilde{e}$  são normais e independentes com

$$\text{Var}(\tilde{u}) = G \text{ e } \text{Var}(\tilde{e}) = R.$$

Deste modo tem que :

$$\text{Var}(\tilde{y}) = ZGZ' + R \text{ e } \text{Cov}(\tilde{y}; \tilde{u}) = ZG.$$

Conseqüentemente,

$$\begin{bmatrix} \tilde{y} \\ \tilde{u} \\ \tilde{e} \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} X\tilde{\beta} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} ZGZ'+R & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que

$\phi$  é uma matriz de zeros;

$R = I\sigma_e^2$  é a matriz de variância e covariância residual, onde I é a matriz identidade de ordem igual ao número de animais em estudo.

$G = A\sigma_A^2$  é a matriz de variância e covariâncias dos efeitos genéticos aditivos presentes no vetor  $\tilde{u}$ , onde  $\sigma_A^2$  é a variância genética aditiva e A é a matriz de parentesco genético entre os animais contendo na diagonal principal elementos ( $a_{ii}$ ) que são iguais a  $(1 + F_i)$ , para cada indivíduo i, onde  $F_i$  é o coeficiente de endogamia do indivíduo i, e elementos ( $a_{ij}$ ), fora da diagonal, que são iguais ao coeficiente de

parentesco entre os indivíduos  $i$  e  $j$ . A composição detalhada da matriz  $A$  pode ser obtida em HENDERSON (1976).

O vetor de observações  $\tilde{y}$ , a matriz de incidência de valores genéticos  $Z$  e o vetor de efeitos genéticos  $\tilde{u}$  apresentam  $n$  linhas, representando cada observação individual, ou seja, que cada animal produz uma equação. Deste modo, no modelo animal o número de equações a serem resolvidas equivale ao número de animais observados.

A estimação dos efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios são realizadas através da derivação das equações de modelo misto (MME).

Essa derivação pode ser feita pela minimização do quadrado médio do erro ou pela maximização da função densidade de probabilidade conjunta de  $\tilde{y}$  e  $\tilde{u}$ , sendo esta última a mais adotada.

Assim, a função densidade de probabilidade conjunta de  $\tilde{y}$  e  $\tilde{u}$  pode ser escrita como o produto entre a função densidade de probabilidade condicional de  $\tilde{y}$ , dado  $\tilde{u}$ , e a função densidade de probabilidade de  $\tilde{u}$ , ou seja,

$$f(\tilde{y}, \tilde{u}) = f(\tilde{u}) \cdot f(\tilde{y} | \tilde{u}),$$

sendo

$$f(\tilde{u}) = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} \cdot |G|^{1/2}} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2} \left( \tilde{u} G^{-1} \tilde{u}' \right)\right\}$$

e

$$f(\tilde{y} | \tilde{u}) = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} \cdot |R|^{1/2}} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2} \left( \tilde{y} - X\tilde{\beta} - Z\tilde{u} \right)' R^{-1} \left( \tilde{y} - X\tilde{\beta} - Z\tilde{u} \right)\right\}$$

Para proceder a maximização de  $f(\tilde{y}, \tilde{u})$ , o artifício da transformação por logaritmo é usado.

Seja  $l = \ln [f(\tilde{y}, \tilde{u})]$ , então

$$l = -\frac{n}{2} \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln(|G|) - \frac{1}{2} \tilde{u} G^{-1} \tilde{u}' - \frac{n}{2} \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln(|R|) - \frac{1}{2} (\tilde{y} - X\tilde{\beta} - Z\tilde{u})' R^{-1} (\tilde{y} - X\tilde{\beta} - Z\tilde{u})$$

Derivando  $l$  em relação a  $\tilde{\beta}$  e  $\tilde{u}$ , e igualando a zero, se obtém as “Equações de Modelo Misto” (MME):

$$\frac{\delta l}{\delta \underline{\beta}} = -X'R^{-1}\underline{y} + X'R^{-1}X\underline{\beta}^0 + X'R^{-1}Z\underline{\hat{u}} = 0$$

$$\frac{\delta l}{\delta \underline{u}} = -Z'R^{-1}\underline{y} + Z'R^{-1}X\underline{\beta}^0 + Z'R^{-1}Z\underline{\hat{u}} + G^{-1}\underline{\hat{u}} = 0$$

ou seja:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \underline{\hat{\beta}} \\ \underline{\hat{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}\underline{y} \\ Z'R^{-1}\underline{y} \end{bmatrix}$$

Essas equações permitem obter estimativas para os efeitos fixos ( $\underline{\hat{\beta}}$ ) e predições para os efeitos aleatórios ( $\underline{\hat{u}}$ ).

A solução do sistema de equações leva aos resultados:

$$\underline{\hat{u}} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1} (\underline{y} - X\underline{\hat{\beta}})$$

$$\underline{\hat{\beta}} = \{X'[R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]X\}^{-1} \cdot X' [R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]\underline{y}$$

### Demonstração:

Para resolver as MME, o sistema de equações é obtido:

$$(X'R^{-1}X). \underline{\hat{\beta}} + (X'R^{-1}Z). \underline{\hat{u}} = X'R^{-1}\underline{y} \quad (1)$$

$$(Z'R^{-1}X). \underline{\hat{\beta}} + (Z'R^{-1}Z + G^{-1}). \underline{\hat{u}} = Z'R^{-1}\underline{y} \quad (2)$$

De (2) temos:

$$(Z'R^{-1}Z + G^{-1}) \underline{\hat{u}} = Z'R^{-1}\underline{y} - Z'R^{-1}X\underline{\hat{\beta}} \Rightarrow (Z'R^{-1}Z + G^{-1}) \underline{\hat{u}} = Z'R^{-1}(\underline{y} - X\underline{\hat{\beta}})$$

$$\therefore \underline{\hat{u}} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1} (\underline{y} - X\underline{\hat{\beta}})$$

Substituindo  $\underline{\hat{u}}$  em (1), temos:

$$(X'R^{-1}X). \underline{\hat{\beta}} + (X'R^{-1}Z). [(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1} (\underline{y} - X\underline{\hat{\beta}})] = X'R^{-1}\underline{y} \Rightarrow$$

$$\Rightarrow (X'R^{-1}X). \underline{\hat{\beta}} + (X'R^{-1}Z).(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1}\underline{y} - (X'R^{-1}Z).(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} X\underline{\hat{\beta}} = X'R^{-1}\underline{y} \Rightarrow$$

$$\Rightarrow [X'R^{-1}X. - (X'R^{-1}Z).(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} X] \underline{\hat{\beta}} = X' [R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1}]\underline{y} \Rightarrow$$

$$\Rightarrow \{X'[R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]X\} \hat{\beta} = X' [R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]y \Rightarrow$$

$$\therefore \hat{\beta} = \{X'[R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]X\}^{-1} \cdot X' [R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]y$$

Fazendo  $G = A\sigma_A^2$  e  $R = I\sigma_e^2$ , o seguinte sistema de equações do modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix},$$

em que  $\alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_A^2} = \frac{(1-h^2)}{h^2}$ , sendo  $h^2$  é um valor inicial da herdabilidade para a característica em estudo, geralmente a  $h^2$  recomendada na literatura.

### Propriedades da estimação para os efeitos fixos ( $\hat{\beta}$ )

(i) A solução  $\hat{\beta}$  obtida pelas MME é a mesma obtida pelos Quadrados Mínimos

Generalizados (GLS), quando é utilizado um modelo que ignora  $u$ , isto é,

$$y = X\beta + e,$$

e sendo  $\text{Var}(y) = V = ZGZ' + R$ .

Como  $V^{-1} = R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}$  a solução GLS, para  $\beta$  é:

$$\hat{\beta} = \{X'V^{-1}X\}^{-1} X' V^{-1} y,$$

que é a mesma obtida pelas MME.

### Demonstração (HENDERSON et al., 1959)

Pós multiplicando os dois lados da igualdade  $R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} = V^{-1}$  por  $V = ZGZ' + R$ , temos:

$$[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}] (ZGZ' + R) = V^{-1}V \Rightarrow$$

$$R^{-1}ZGZ' + R^{-1}R - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}ZGZ' - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}R = I \Rightarrow$$

$$R^{-1}ZGZ' + I - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}ZGZ' - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}R = I \Rightarrow$$

$$R^{-1}ZGZ' + I - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}(Z'R^{-1}ZGZ' - Z') = I \Rightarrow$$

$$R^{-1}ZGZ' + I - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}(Z'R^{-1}ZGZ' - G^{-1}GZ') = I \Rightarrow$$

$$R^{-1}ZGZ' + I - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}(Z'R^{-1}Z - G^{-1})GZ' = I \Rightarrow$$

$$R^{-1}ZGZ' + I - R^{-1}ZIGZ' = I \Rightarrow$$

$$I = I$$

Portanto,  $\hat{\beta}$  das MME, é uma solução GLS para o modelo  $y = X\beta + e$ , que ignora  $u$ .

(ii) A variância de  $\hat{\beta}$  é dada por:

$$\text{Var}(\hat{\beta}) = [X'R^{-1}X - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X]^{-1}$$

Demonstração:

Como  $\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$ , onde  $V^{-1} = R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}$ , então

$$\begin{aligned}\text{Var}(\hat{\beta}) &= (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}\text{Var}(y)V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1} \\ &= (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}VV^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1} \\ &= (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}\end{aligned}$$

Sendo  $X'V^{-1}X$  uma matriz simétrica, a escolha de uma inversa generalizada apropriada, também simétrica, leva à igualdade (SEARLE, 1971):

$$(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1} = (X'V^{-1}X)^{-1}$$

Portanto,

$$\begin{aligned}\text{Var}(\hat{\beta}) &= (X'V^{-1}X)^{-1} \\ &= \{X'[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]X\}^{-1}\end{aligned}$$

$$\text{Var}(\hat{\beta}) = [X'R^{-1}X - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X]^{-1}$$

(iii) Para um dado conjunto de funções estimáveis, estabelecidas por uma matriz conhecida  $K$ , a variância de  $K'\hat{\beta}$ , o Melhor Estimador Linear Não-Viesado (BLUE) de  $K'\hat{\beta}$ , é dada por:

$$\text{Var}(K'\hat{\beta}) = K'\text{Var}(\hat{\beta})K \Rightarrow K'[X'R^{-1}X - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X]^{-1}K$$

$$\therefore \text{Var}(K'\hat{\beta}) = K'[X'R^{-1}X - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X]^{-1}K.$$

### Propriedades da predição para os efeitos aleatórios ( $\hat{u}$ )

(i) O preditor  $\hat{u}$ , obtido pelas MME, é o Melhor Preditor Linear Não-Viesado (BLUP) de  $u$ .

O termo predição se refere a fatores aleatórios, e o Melhor Preditor Linear Não-Viesado pode ser, simplificadaamente, como o resultado da regressão dos efeitos de um fator aleatório ( $u$ ) em função das observações ( $y$ ) corrigidas para os efeitos dos fatores fixos ( $X\beta$ ), como dado na seguinte expressão:

$$\hat{u} = GZ' (ZGZ' + R)^{-1} (y - X\hat{\beta})$$

Devemos observar que o termo  $GZ' (ZGZ' + R)^{-1}$  é o conjunto de coeficientes de regressão de  $u$  em função de  $y$ , uma vez que  $GZ'$  é a matriz de covariâncias entre  $u$  e  $y$ , e  $(ZGZ' + R)^{-1}$  é a inversa da matriz de variância de  $y$ , enquanto o termo  $(y - X\hat{\beta})$  contém os valores das observações ( $y$ ) corrigidas para os efeitos  $X\hat{\beta}$ .

Sendo

$$GZ' (ZGZ' + R)^{-1} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1},$$

então,  $\hat{u}$ , obtido pelas MME é o BLUP de  $u$ .

#### Demonstração:

Pós multiplicando o lado direito da igualdade por  $(ZGZ' + R) (ZGZ' + R)^{-1}$ , tem que:

$$\begin{aligned} GZ' (ZGZ' + R)^{-1} &= (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1} (ZGZ' + R) (ZGZ' + R)^{-1} \Rightarrow \\ &\Rightarrow GZ' (ZGZ' + R)^{-1} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} (Z'R^{-1}ZGZ' + Z'R^{-1}R) (ZGZ' + R)^{-1} \Rightarrow \\ &\Rightarrow GZ' (ZGZ' + R)^{-1} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} (Z'R^{-1}ZGZ' + Z') (ZGZ' + R)^{-1} \Rightarrow \\ &\Rightarrow GZ' (ZGZ' + R)^{-1} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} (Z'R^{-1}ZGZ' + G^{-1}GZ') (ZGZ' + R)^{-1} \Rightarrow \\ &\Rightarrow GZ' (ZGZ' + R)^{-1} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} (Z'R^{-1}Z + G^{-1}) GZ' (ZGZ' + R)^{-1} \Rightarrow \\ &\Rightarrow GZ' (ZGZ' + R)^{-1} = GZ' (ZGZ' + R)^{-1} \end{aligned}$$

Portanto,  $\hat{u}$  obtido pelas MME é o BLUP de  $u$  (HENDERSON et al., 1959).

(ii) A variância de  $\hat{u}$ , é dada por:

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

$$X \{X' [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] X\}^{-1} X' R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] ZG'$$

Demonstração:

$$\begin{aligned} \text{Var}(\hat{u}) &= \text{Var} [GZ'V^{-1} (y - X\hat{\beta})] \Rightarrow \\ &= GZ'V^{-1} \text{Var}(y - X\hat{\beta}) V^{-1} ZG' \Rightarrow \\ &= GZ'V^{-1} [\text{Var}(y) - 2\text{Cov}(y, \hat{\beta}' X') + \text{Var}(X\hat{\beta})] V^{-1} ZG', \end{aligned}$$

mas  $\text{Cov}(y, \hat{\beta}' X') = \text{Var}(X\hat{\beta})$ , então,

$$\begin{aligned} \text{Var}(\hat{u}) &= GZ'V^{-1} [\text{Var}(y) - \text{Var}(X\hat{\beta})] V^{-1} ZG' \Rightarrow \\ &= GZ'V^{-1} [V - X(X'V^{-1}X)^{-1} X'] V^{-1} ZG' \Rightarrow \\ &= GZ' [V^{-1} - V^{-1} X(X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}] ZG'. \end{aligned}$$

Substituindo  $V^{-1}$  por  $R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}$ , tem que,

$$\begin{aligned} \text{Var}(\hat{u}) &= GZ' \{R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1} - [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] \\ &\quad X \{X' [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] X\}^{-1} X' R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}\} ZG' \end{aligned}$$

(iii) A variância do erro de predição é dada por:

$$\begin{aligned} \text{Var}(u - \hat{u}) &= G - GZ' \{R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1} - [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] \\ &\quad X \{X' [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] X\}^{-1} X' [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}]\} ZG'. \end{aligned}$$

Demonstração:

$$\text{Var}(u - \hat{u}) = \text{Var}(u) - 2\text{Cov}(u, \hat{u}') + \text{Var}(\hat{u}),$$

mas  $\text{Cov}(u, \hat{u}') = \text{Var}(\hat{u})$ , então,

$$\text{Var}(u - \hat{u}) = \text{Var}(u) - \text{Var}(\hat{u}),$$

$$\begin{aligned} \text{Var}(u - \hat{u}) &= G - GZ' \{R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1} - [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] \\ &\quad X \{X' [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}] X\}^{-1} X' [R^{-1} - R^{-1} Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1}]\} ZG'. \end{aligned}$$

Vale lembrar que o uso das MME implica o conhecimento prévio das variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios ( $u$ ) e dos resíduos ( $e$ ). Esses parâmetros, geralmente são desconhecidos e devem ser substituídos por suas estimativas.

### 4.3.2. MODELO ANIMAL COM EFEITO MATERNO

Similarmente aos desenvolvimentos necessários para a estimação dos parâmetros e a obtenção das propriedades estatísticas desses estimadores, trabalha-se nesses modelos acrescentando a dificuldade de se considerar dois tipos de efeitos aleatórios.

O modelo animal com efeito materno na forma matricial é dado por

$$\underset{\sim}{y} = X\underset{\sim}{\beta} + Z\underset{\sim}{u} + W\underset{\sim}{m} + \underset{\sim}{e}$$

onde

$\underset{\sim}{y}$ : é o vetor (nx1) de observações da característica em estudo, sendo n o número de animais em avaliação;

$\underset{\sim}{\beta}$ : é o vetor (px1) de efeitos fixos, com p o número de efeitos fixos;

X: é a matriz (nxp) de incidência de efeitos fixos, associando elementos de  $\underset{\sim}{\beta}$  a  $\underset{\sim}{y}$ ;

$\underset{\sim}{u}$ : é o vetor (nx1) de efeitos aleatórios (efeitos genéticos aditivos dos animais);

Z: é uma matriz diagonal (nxn) de incidência de efeitos aleatórios, constituída de “1” ou “0”, na diagonal principal, dependendo se a característica foi medida ou não, no animal;

$\underset{\sim}{m}$ : é o vetor (nx1) de efeitos aleatórios maternos (efeitos genéticos indiretos);

W: é uma matriz diagonal (nxn) de incidência de efeitos maternos;

$\underset{\sim}{e}$ : é o vetor (nx1) de variáveis aleatórias não observáveis, dito vetor de erros aleatórios.

As seguintes pressuposições são definidas:

$$\begin{bmatrix} \underset{\sim}{y} \\ \underset{\sim}{u} \\ \underset{\sim}{m} \\ \underset{\sim}{e} \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} X\underset{\sim}{\beta} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} ZGZ' + WMW' + R & ZG & WM & R \\ & GZ' & G & \phi & \phi \\ & MW' & \phi & M & \phi \\ & R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que

$\phi$  é uma matriz de zeros;

$R = I\sigma_e^2$  é a matriz de variância e covariância residual, onde I é a matriz identidade de ordem igual ao número de animais em estudo;

$G = A\sigma_A^2$  é a matriz de variância e covariâncias dos efeitos genéticos aditivos presentes no vetor  $\tilde{u}$ , onde  $\sigma_A^2$  é a variância genética aditiva e  $A$  é a matriz de parentesco genético entre os animais;

$M = A\sigma_{Am}^2$  é a matriz de variância e covariâncias dos efeitos genéticos aditivos maternos, onde  $\sigma_{Am}^2$  é a variância genética aditiva materna e  $A$  é a matriz de parentesco genético.

#### 4.3.3. TESTE DA RAZÃO DE VEROSSIMILHAÇA (TRV)

Esse teste compara dois modelos de cada vez, estimados por máxima verossimilhança, sendo um dos modelos uma versão restrita do outro, ou seja, um modelo tem  $r$  parâmetros adicionais. O teste verifica se esses parâmetros adicionais melhoram significativamente o modelo.

As hipóteses testadas são:

$H_0$ : os dois ajustes de modelo não diferem significativamente;

$H_A$ : os dois ajustes de modelo diferem significativamente.

A estatística de teste é:

$$LR_{ij} = -2\ln\left(\frac{L_j}{L_i}\right) = 2\ln(L_i) - 2\ln(L_j)$$

em que

$L_i$  é a função de verossimilhança para o modelo  $i$ , com o menor número de parâmetros;

$L_j$  é a função de verossimilhança para o modelo  $j$ , com maior número de parâmetros.

O valor da estatística de teste é comparado com o valor tabelado de uma distribuição de Qui-Quadrado com grau de liberdade dado pela diferença entre o número de parâmetros inseridos nos modelos. Valores da estatística de teste superiores ao tabelado rejeita  $H_0$ .

Após a realização do Teste da Razão de Verossimilhança, a análise uni-característica, da linhagem fêmea foi realizada utilizando o modelo animal.

As análises bi-características, das linhagens macho e fêmea, foram realizadas utilizando o modelo animal bi-características. Nesse caso o modelo animal com efeito materno não foi usado.

#### 4.3.4. MODELO ANIMAL MULTICARACTERÍSTICAS

Para o caso em que se tem os mesmos efeitos afetando todas as características e não existem perdas de dados para nenhuma delas, as matrizes de incidência são iguais para todas, tem-se o modelo genérico multicaracterísticas seguir, em sua forma matricial:

$$\tilde{y} = X\tilde{\beta} + Z\tilde{u} + \tilde{e}$$

onde

$\tilde{y}$ : é o vetor ( $n \times 1$ ) de observações de  $q$  características medidas organizadas dentro cada animal, sendo  $n$  o número de animais em avaliação;

$\tilde{\beta}$ : é o vetor ( $p \times 1$ ) de efeitos fixos, com  $p$  o número de efeitos fixos;

$X$ : é a matriz ( $n \times p$ ) de incidência de  $p$  efeitos fixos;

$\tilde{u}$ : é o vetor ( $n \times 1$ ) de efeitos aleatórios (efeitos genéticos aditivos dos animais);

$Z$ : é uma matriz diagonal ( $n \times n$ ) de incidência de efeitos aleatórios, constituída de "1" ou "0", na diagonal principal, dependendo se a característica foi medida ou não, no animal;

$\tilde{e}$ : é o vetor ( $n \times 1$ ) de variáveis aleatórias não observáveis, dito vetor de erros aleatórios.

As pressuposições a respeito da distribuição multivariada de  $\tilde{y}$ ,  $\tilde{u}$  e  $\tilde{e}$  são:

$$\begin{bmatrix} \tilde{y} \\ \tilde{u} \\ \tilde{e} \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} X\tilde{\beta} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} ZGZ'+R & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}.$$

Estando as medidas ordenadas dentro de cada animal no vetor  $\tilde{y}$ , as matrizes  $G$  e  $R$  são definidas por:

$$G = A \otimes G_0 \text{ e } R = I \otimes R_0$$

onde

$\otimes$  denota produto de Kronecker;

$A$  é a matriz ( $n \times n$ ) de parentesco;

$I$  é a matriz identidade ( $n \times n$ );

$G_0$  é a matriz ( $q \times q$ ) de variância e covariância genética aditiva entre as  $q$  características, definida por:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{A_1}^2 & \sigma_{A_1A_2} & \cdots & \sigma_{A_1A_q} \\ \sigma_{A_2A_1} & \sigma_{A_2}^2 & \cdots & \sigma_{A_2A_q} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{A_1A_q} & \sigma_{A_2A_q} & \cdots & \sigma_{A_q}^2 \end{bmatrix},$$

em que  $\sigma_{A_i}^2$  é a variância genética aditiva da i-ésima característica e  $\sigma_{A_iA_j}$  é a covariância genética entre as características i e j, com  $i = 1, 2, \dots, q$  e  $j = 1, 2, \dots, q$ ;

$R_0$  é a matriz (qxq) de variância e covariância residual entre as q características, definida por:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} & \cdots & \sigma_{e_1e_q} \\ \sigma_{e_2e_1} & \sigma_{e_2}^2 & \cdots & \sigma_{e_2e_q} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{e_1e_q} & \sigma_{e_2e_q} & \cdots & \sigma_{e_q}^2 \end{bmatrix},$$

em que  $\sigma_{e_i}^2$  é a variância residual da i-ésima característica e  $\sigma_{e_ie_j}$  é a covariância residual entre as características i e j, com  $i = 1, 2, \dots, q$  e  $j = 1, 2, \dots, q$ .

O vetor de observações  $\tilde{y}$ , a matriz de incidência de efeitos fixos X, a matriz de incidência de valores genéticos Z e o vetor de valores genéticos  $\tilde{u}$  apresentam nq linhas mostrando cada observação individual, ou seja, que cada animal produz q equações. Assim, no modelo animal o número de equações a serem resolvidas equivale ao número de animais vezes o número de características (nq).

O sistema de equações do modelo misto é:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \tilde{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}\tilde{y} \\ ZR^{-1}\tilde{y} \end{bmatrix}$$

e sua solução leva aos resultados:

$$\tilde{u} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1} (\tilde{y} - X\hat{\beta})$$

$$\hat{\beta} = \{X'[R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]X\}^{-1} \cdot X'[R^{-1} - R^{-1}Z.(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]\tilde{y}$$

Nas análises uni-característica e bi-características, foi considerado como efeito fixo (vetor  $\hat{\beta}$ ) a incubação, e como efeito aleatório (vetor  $\tilde{u}$ ), o valor genético aditivo direto dos animais para todas as características avaliadas.

Os algoritmos DFREML e AIREML, usados na estimação dos componentes de variância e covariância, têm como base o Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), e são descritos a seguir de maneira genérica.

#### 4.3.5. MÉTODO DA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML: RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD).

Considerando o modelo animal descrito em 4.3.4:

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X}\underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{Z}\underset{\sim}{u} + \underset{\sim}{e}$$

A função de verossimilhança de  $\underset{\sim}{y}$  é dada por:

$$L = L(\beta, V | y) = \frac{\exp\left\{-\frac{1}{2}(\underset{\sim}{y} - \underset{\sim}{X}\beta)' V^{-1}(\underset{\sim}{y} - \underset{\sim}{X}\beta)\right\}}{(2\pi)^{nq/2} |V|^{1/2}},$$

onde  $|V|$  é o determinante da matriz  $V = \text{Var}(\underset{\sim}{y}) = \underset{\sim}{Z}\underset{\sim}{G}\underset{\sim}{Z}' + R$ .

Para a maximização de  $L$ , usa-se o artifício da transformação por logaritmo, uma vez que  $L$  e  $\ln(L)$  são funções contínuas e crescentes em  $R^+$  e seus pontos de máximo são coincidentes dentro do espaço de  $[\beta']$  e  $V$ .

Deste modo, fazendo-se  $l = \ln(L)$ , tem-se:

$$l = -\frac{1}{2}nq \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln|V| - \frac{1}{2}(\underset{\sim}{y} - \underset{\sim}{X}\beta)' V^{-1}(\underset{\sim}{y} - \underset{\sim}{X}\beta)$$

O método de máxima verossimilhança restrita (REML), toma a função  $l$  como um produto de duas funções densidade de probabilidades, assim, o logaritmo da função densidade de probabilidade de  $y$  dada acima, é dividido em duas partes:

$$l_1 = \frac{1}{2} \rho(X) \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln|X' V^{-1} X| - \frac{1}{2} \{y' V^{-1} X [X' V^{-1} X]^{-1} X' V^{-1} y - 2y' V^{-1} X [X' V^{-1} X]^{-1} X' V^{-1} X \beta + \beta' X' V^{-1} X [X' V^{-1} X]^{-1} X' V^{-1} X \beta\}$$

e

$$l_2 = -\frac{1}{2} \rho\{K' [KVK']^{-1} K\} \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln|KVK'| - \frac{1}{2} \{y' K' [KVK']^{-1} Ky\}$$

em que

$l_1$  é o logaritmo da função densidade de probabilidade, referente aos efeitos fixos;

$l_2$  é o logaritmo da função densidade de probabilidade, referente aos contrastes linearmente independentes entre as partes aleatórias das observações,  $(y - X\beta)$ ;

$\rho$  é a simbologia utilizada para o posto de matriz;

$K$  é a matriz que estabelece os contrastes linearmente independentes entre as partes aleatórias das observações.

Para a estimação dos componentes de variância  $\hat{\sigma}_A^2$  e  $\hat{\sigma}_e^2$ , a função  $l_2$  é derivada em relação aos elementos de  $G_0$  e  $R_0$ , tornando essas derivadas iguais a zero.

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{e_1}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K R_1\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K R_1 K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{e_1 e_2}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K R_{12}\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K R_{12} K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

⋮

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{e_{(q-1) e_q}^2}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K R_{(q-1)q}\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K R_{(q-1)q} K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{e_q}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K R_q\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K R_q K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{A_1}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K G_1\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K G_1 K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{A_1 A_2}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K G_{12}\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K G_{12} K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

⋮

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{A_{(q-1) A_q}^2}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K G_{(q-1)q}\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K G_{(q-1)q} K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

$$\frac{\delta l_2}{\delta \sigma_{A_q}^2} = -\frac{1}{2} \text{tr}\{K' [K V K']^{-1} K G_q\} + \frac{1}{2} y' K' [K V K']^{-1} K G_q K' [K V K']^{-1} K y = 0$$

em que

$$R_i = Z_i \otimes Q_i,$$

$$R_{ij} = Z_{ij} \otimes Q_{ij},$$

$$G_i = Z_i A Z_i' \otimes Q_i,$$

$$G_{ij} = Z_i A Z_j' \otimes Q_{ij},$$

onde

$Z_i$  é a matriz de incidência,  $n \times n$ , da  $i$ -ésima característica;

$Q_i$  é a matriz identidade,  $q \times q$ , que contém “1” na posição  $(i, i)$  e “0” nas demais posições;

$Z_{ij}$  é a matriz de incidência simultânea,  $n \times n$ , das  $i$ -ésima e  $j$ -ésima características;

$Q_{ij}$  é a matriz,  $q \times q$ , que contém “1” nas posições  $(i, j)$  e  $(j, i)$  e “0” nas demais posições;

$A$  é a matriz,  $n \times n$ , que indica o grau de parentesco entre os animais.

Deste modo,

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K R_1\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K R_1 K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K R_{12}\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K R_{12} K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

⋮

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K R_{(q-1)q}\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K R_{(q-1)q} K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K R_q\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K R_q K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K G_1\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K G_1 K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K G_{12}\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K G_{12} K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

⋮

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K G_{(q-1)q}\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K G_{(q-1)q} K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}\{K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K G_q\} = \underset{\sim}{y}' K' [KVK']^{-1} K G_q K' [KVK']^{-1} K \underset{\sim}{y}$$

Sendo  $K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K = P$  e  $\underset{\sim}{P} \underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{y} - X \underset{\sim}{\hat{\beta}}$ , ou seja,  $K' [K \text{ VK}' ]^{-1} K$  é o projetor ortogonal da parte aleatória das observações no espaço coluna da matriz  $X$ , o sistema de equações pode ser escrito como:

$$\text{tr}(P R_1) = \underset{\sim}{y}' P R_1 \underset{\sim}{P} \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}(P R_{12}) = \underset{\sim}{y}' P R_{12} \underset{\sim}{P} \underset{\sim}{y}$$

⋮

$$\text{tr}(P R_{(q-1)q}) = \underset{\sim}{y}' P R_{(q-1)q} \underset{\sim}{P} \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}(P R_q) = \underset{\sim}{y}' P R_q \underset{\sim}{P} \underset{\sim}{y}$$

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}G_1) = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_1\underset{\sim}{P}y$$

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}G_{12}) = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_{12}\underset{\sim}{P}y$$

⋮

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}G_{(q-1)q}) = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_{(q-1)q}\underset{\sim}{P}y$$

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}G_q) = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_q\underset{\sim}{P}y$$

Usando a forma alternativa para  $P = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}$ , temos que  $PVP = P$  (SEARLE, 1971). Assim, substituindo a matriz  $P$ , do lado esquerdo das equações por  $PVP$ , tem que:

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}R_i) = \text{tr}[\underset{\sim}{P}V\underset{\sim}{P}R_i]$$

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}R_{ij}) = \text{tr}[\underset{\sim}{P}V\underset{\sim}{P}R_{ij}]$$

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}G_i) = \text{tr}[\underset{\sim}{P}V\underset{\sim}{P}G_i]$$

$$\text{tr}(\underset{\sim}{P}G_{ij}) = \text{tr}[\underset{\sim}{P}V\underset{\sim}{P}G_{ij}]$$

Após manipulação algébrica as equações para estimação REML de  $\sigma_A^2$  e  $\sigma_e^2$  podem ser escritas como:

$$\underset{\sim}{t}'_{1e} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}R_1\underset{\sim}{P}y$$

$$\underset{\sim}{t}'_{12e} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}R_{12}\underset{\sim}{P}y$$

⋮

$$\underset{\sim}{t}'_{(q-1)qe} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}R_{(q-1)q}\underset{\sim}{P}y$$

$$\underset{\sim}{t}'_{qe} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}R_q\underset{\sim}{P}y$$

$$\underset{\sim}{t}'_{1u} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_1\underset{\sim}{P}y$$

$$\underset{\sim}{t}'_{12u} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_{12}\underset{\sim}{P}y$$

⋮

$$\underset{\sim}{t}'_{(q-1)qu} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_{(q-1)q}\underset{\sim}{P}y$$

$$\underset{\sim}{t}'_{qu} \underset{\sim}{s} = \underset{\sim}{y}'\underset{\sim}{P}G_q\underset{\sim}{P}y$$

onde

$$\tilde{s} = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 \\ \sigma_{e_{12}}^2 \\ \vdots \\ \sigma_{e_{(q-1)q}}^2 \\ \sigma_{e_q}^2 \\ \sigma_{A_1}^2 \\ \sigma_{A_{12}}^2 \\ \vdots \\ \sigma_{A_{(q-1)q}}^2 \\ \sigma_{A_q}^2 \end{bmatrix}; \tilde{t}_{ie} = \begin{bmatrix} \text{tr}(\text{PR}_i \text{PR}_1) \\ \text{tr}(\text{PR}_i \text{PR}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PR}_i \text{PR}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PR}_i \text{PR}_q) \\ \text{tr}(\text{PR}_i \text{PG}_1) \\ \text{tr}(\text{PR}_i \text{PG}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PR}_i \text{PG}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PR}_i \text{PG}_q) \end{bmatrix}; \tilde{t}_{ije} = \begin{bmatrix} \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PR}_1) \\ \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PR}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PR}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PR}_q) \\ \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PG}_1) \\ \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PG}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PG}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PR}_{ij} \text{PG}_q) \end{bmatrix}$$

$$\tilde{t}_{iu} = \begin{bmatrix} \text{tr}(\text{PG}_i \text{PR}_1) \\ \text{tr}(\text{PG}_i \text{PR}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PG}_i \text{PR}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PG}_i \text{PR}_q) \\ \text{tr}(\text{PG}_i \text{PG}_1) \\ \text{tr}(\text{PG}_i \text{PG}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PG}_i \text{PG}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PG}_i \text{PG}_q) \end{bmatrix} \text{ e } \tilde{t}_{iju} = \begin{bmatrix} \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PR}_1) \\ \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PR}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PR}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PR}_q) \\ \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PG}_1) \\ \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PG}_{12}) \\ \vdots \\ \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PG}_{(q-1)q}) \\ \text{tr}(\text{PG}_{ij} \text{PG}_q) \end{bmatrix}$$

As soluções são obtidas de forma iterativa, atribuindo valores iniciais para os elementos de  $\tilde{s}$ . O processo é repetido, usando as aproximações obtidas, até que ocorra a convergência. Devido as suas propriedades para dados não balanceados os estimadores REML têm sido preferidos (SEARLE et al., 1992).

#### 4.3.6. O ALGORITMO DFREML (DFREML: DERIVATIVE-FREE RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD).

No modelo animal

$$\tilde{y} = \tilde{X}\tilde{\beta} + \tilde{Z}\tilde{u} + \tilde{e}$$

em que  $\tilde{y}$ ,  $\tilde{u}$  e  $\tilde{e}$  têm distribuição univariada,

$$E(\tilde{y}) = \tilde{X}\tilde{\beta}, \text{Var}(\tilde{y}) = \tilde{V} = \tilde{Z}\tilde{G}\tilde{Z}' + \tilde{R} = \tilde{Z}\tilde{A}\tilde{Z}' + \tilde{I},$$

onde  $r = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_e^2}$ ,  $G = A\sigma_A^2$  e  $R = I\sigma_e^2$ .

A função avaliada é

$$l = -\frac{1}{2} \left\{ \text{const} + \ln |R| + \ln |G| + \ln |C| + y'Py \right\}$$

onde

$C = \{Z' [I - X'(X'X)^{-1}X']Z + (1/r)A^{-1}\}^{-1}$ , é a matriz de coeficientes dos efeitos aleatórios após absorção dos efeitos fixos nas MME;

$P$ : é a matriz  $V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}$ .

Sendo que  $\hat{\sigma}_e^2$  pode ser escrito como  $\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'Py}{n - \rho(X)}$ , e  $\hat{\sigma}_A^2 = r\hat{\sigma}_e^2$ , para a avaliação da função  $l$  é necessária a obtenção de  $y'Py$  e  $\ln|C|$ , dado que os demais termos são fixos.

O cálculo de  $y'Py$  e  $\ln|C|$  é feito através do Método de Eliminação de Gauss (GE) ou do Método de Cholesky (CF). Sendo o Método de Cholesky a opção sugerida pelo DXMUX durante as análises, utilizada como padrão no presente trabalho.

Na prática, o algoritmo DFREML (GRASER et al., 1987) calcula o ponto de máximo do logaritmo da função densidade de probabilidade por meio de sucessivas avaliações da função, no caso uni-característica, a partir de valores iniciais atribuídos a  $r = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_e^2}$ , até que ocorra a convergência. No caso bi-características, a maximização da

função de verossimilhança é feito a partir de valores iniciais de  $\sigma_{A_1}^2$  e  $\sigma_{A_2}^2$  (variâncias genéticas aditivas diretas para as características 1 e 2, respectivamente),  $\sigma_{A_1A_2}$  (covariância genéticas aditivas entre as características 1 e 2),  $\sigma_{e_1}^2$  e  $\sigma_{e_2}^2$  (variâncias residuais para as características 1 e 2, respectivamente) e  $\sigma_{e_1e_2}$  (covariância residual

entre as características 1 e 2), não esquecendo que as matrizes  $G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{A_1}^2 & \sigma_{A_1A_2} \\ \sigma_{A_2A_1} & \sigma_{A_2}^2 \end{bmatrix}$  e

$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} \\ \sigma_{e_2e_1} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$  devem ser definidas positivas, sendo prático verificar se seus

elementos obedecem a seguinte propriedade,  $\sigma_{A_1}^2 \times \sigma_{A_2}^2 - (\sigma_{A_1 A_2})^2 > 0$  e  $\sigma_{e_1}^2 \times \sigma_{e_2}^2 - (\sigma_{e_1 e_2})^2 > 0$ .

#### 4.3.7. O ALGORITMO AIREML (AIREML: AVERAGE INFORMATION RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD).

No modelo animal

$$\underset{\sim}{y} = X\underset{\sim}{\beta} + Z\underset{\sim}{u} + \underset{\sim}{e}$$

em que  $\underset{\sim}{y}$ ,  $\underset{\sim}{u}$  e  $\underset{\sim}{e}$  têm distribuição univariada,

$$E(\underset{\sim}{y}) = X\underset{\sim}{\beta}, \text{Var}(\underset{\sim}{y}) = V = ZGZ' + R = ZAZ'r + I,$$

onde  $r = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_e^2}$ ,  $G = A\sigma_A^2$  e  $R = I\sigma_e^2$ .

A função avaliada é

$$l = -\frac{1}{2} \left\{ \text{const} + \ln |V| + \ln |X'V^{-1}X| + \underset{\sim}{y}' P \underset{\sim}{y} \right\}$$

Sendo  $\sigma$  o vetor de parâmetros a ser estimado com elementos  $\sigma_A$  e  $\sigma_e$ .

$$\frac{\delta l}{\delta \sigma_A} = \text{tr} \left( \frac{\delta V}{\delta \sigma_A} P \right) - \underset{\sim}{y}' P \frac{\delta V}{\delta \sigma_A} P \underset{\sim}{y}$$

e

$$\frac{\delta^2 l}{\delta \sigma_A \delta \sigma_e} = -\frac{1}{2} \left[ \text{tr} \left( P \frac{\delta^2 V}{\delta \sigma_A \delta \sigma_e} \right) - \text{tr} \left( P \frac{\delta V}{\delta \sigma_A} P \frac{\delta V}{\delta \sigma_e} \right) - \underset{\sim}{y}' P \left( \frac{\delta^2 V}{\delta \sigma_A \delta \sigma_e} - 2 \frac{\delta V}{\delta \sigma_A} P \frac{\delta V}{\delta \sigma_e} \right) P \underset{\sim}{y} \right].$$

A última é chamada de informação observada, e tem como esperança matemática:

$$E \left[ \frac{\delta^2 l}{\delta \sigma_A \delta \sigma_e} \right] = -\frac{1}{2} \text{tr} \left( P \frac{\delta V}{\delta \sigma_A} P \frac{\delta V}{\delta \sigma_e} \right)$$

Assim, a média entre a informação observada e da esperança desta (JOHNSON e THOMPSON, 1995) é dada por:

$$AI = \frac{1}{2} \left( \frac{\delta^2 l}{\delta \sigma_A \delta \sigma_e} + E \left[ \frac{\delta^2 l}{\delta \sigma_A \delta \sigma_e} \right] \right) = -\frac{1}{2} y' P \frac{\delta V}{\delta \sigma_A} P \frac{\delta V}{\delta \sigma_e} P y$$

Na prática, o algoritmo AIREML (JOHNSON e THOMPSON, 1995) calcula o ponto de máximo do logaritmo da função densidade de probabilidade por meio de sucessivas avaliações da função, no caso uni-característica, a partir de valores iniciais atribuídos a

$r = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_e^2}$ , até que ocorra a convergência. No caso bi-características, a maximização da

função de verossimilhança é feito a partir de valores iniciais de  $\sigma_{A_1}^2$  e  $\sigma_{A_2}^2$  (variâncias genéticas aditivas diretas para as características 1 e 2, respectivamente),  $\sigma_{A_1A_2}$

(covariância genéticas aditivas entre as características 1 e 2),  $\sigma_{e_1}^2$  e  $\sigma_{e_2}^2$  (variâncias residuais para as características 1 e 2, respectivamente) e  $\sigma_{e_1e_2}$  (covariância residual

entre as características 1 e 2), não esquecendo que as matrizes  $G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{A_1}^2 & \sigma_{A_1A_2} \\ \sigma_{A_2A_1} & \sigma_{A_2}^2 \end{bmatrix}$  e

$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} \\ \sigma_{e_2e_1} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$  devem ser definidas positivas, sendo prático verificar se seus

elementos obedecem a seguinte propriedade,  $\sigma_{A_1}^2 \times \sigma_{A_2}^2 - (\sigma_{A_1A_2})^2 > 0$  e  $\sigma_{e_1}^2 \times \sigma_{e_2}^2 - (\sigma_{e_1e_2})^2 > 0$ .

É importante ressaltar que todo processo iterativo depende de boas estimativas iniciais. Muitos autores obtêm essas estimativas através de outros programas. Nesse trabalho foram utilizados valores citados na literatura, para as análises uni-característica e, por valores obtidos nas análises uni-característica, para as análises bi-características.

Em função do risco de se obter máximos locais ao invés de globais, principalmente quando se aumenta o número de componentes de variância a serem estimados, principalmente nos casos multicaracterísticas, o processo deve ser repetido com diferentes valores iniciais para os componentes de variância (MEYER, 1989). Em todas as rodadas, tanto para o algoritmo DF quanto o AI, foi utilizado o critério de convergência  $10^{-8}$ . Após cada convergência, o programa foi reiniciado, usando as estimativas obtidas anteriormente como valores iniciais. Este procedimento foi repetido até que as diferenças entre as estimativas das duas últimas convergências fossem menor que  $10^{-5}$ .

#### 4.3.8. HERDABILIDADES

As estimativas de herdabilidades ( $h^2$ ) foram obtidas através da fórmula:

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_{A_i}^2}{\hat{\sigma}_{P_i}^2}$$

onde

$\hat{h}_i^2$  : é a estimativa da herdabilidade para a i-ésima característica;

$\hat{\sigma}_{A_i}^2$  : é a estimativa da variância genética aditiva para a i-ésima característica;

$\hat{\sigma}_{P_i}^2 = \sigma_{A_i}^2 + \sigma_{e_i}^2$  : é a estimativa da variância fenotípica para a i-ésima característica.

#### 4.3.9. CORRELAÇÕES GENÉTICA, FENOTÍPICA E AMBIENTAL

As estimativas de correlação genética para as características estudadas foram obtidas através da fórmula:

$$\hat{r}_{A_{ij}} = \frac{\hat{\sigma}_{A_i A_j}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{A_i}^2 \hat{\sigma}_{A_j}^2}}$$

onde

$\hat{r}_{A_{ij}}$  : é a estimativa de correlação genética aditiva entre a i-ésima e j-ésima características;

$\hat{\sigma}_{A_i A_j}$  : é a estimativa de covariância genética aditiva entre a i-ésima e j-ésima características;

$\hat{\sigma}_{A_i}^2$  : é a estimativa da variância genética aditiva para a i-ésima característica;

$\hat{\sigma}_{A_j}^2$  : é a estimativa da variância genética aditiva para a j-ésima característica.

As estimativas de correlação ambiental para as características estudadas foram obtidas através da fórmula:

$$\hat{r}_{E_{ij}} = \frac{\hat{\sigma}_{E_i E_j}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{E_i}^2 \hat{\sigma}_{E_j}^2}}$$

onde

$\hat{r}_{E_{ij}}$  : é a estimativa de correlação ambiental entre a i-ésima e j-ésima características;

$\hat{\sigma}_{E_i E_j}$  : é a estimativa de covariância ambiental entre a i-ésima e j-ésima características;

$\hat{\sigma}_{E_i}^2$  : é a estimativa da variância ambiental para a i-ésima característica;

$\hat{\sigma}_{E_j}^2$  : é a estimativa da variância ambiental para a j-ésima característica.

As estimativas de correlação fenotípica para as características estudadas foram obtidas através da fórmula:

$$\hat{r}_{P_{ij}} = \frac{\hat{\sigma}_{A_i A_j} + \hat{\sigma}_{E_i E_j}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{A_i}^2 + \hat{\sigma}_{E_i}^2)(\hat{\sigma}_{A_j}^2 + \hat{\sigma}_{E_j}^2)}}$$

onde

$\hat{r}_{P_{ij}}$  : é a estimativa de correlação fenotípica entre a i-ésima e j-ésima características;

$\hat{\sigma}_{A_i A_j}$  : é a estimativa de covariância genética aditiva entre a i-ésima e j-ésima;

$\hat{\sigma}_{A_i}^2$  : é a estimativa da variância genética aditiva para a i-ésima característica;

$\hat{\sigma}_{A_j}^2$  : é a estimativa da variância genética aditiva para a j-ésima característica;

$\hat{\sigma}_{E_i E_j}$  : é a estimativa de covariância ambiental entre a i-ésima e j-ésima características;

$\hat{\sigma}_{E_i}^2$  : é a estimativa da variância ambiental para a i-ésima característica;

$\hat{\sigma}_{E_j}^2$  : é a estimativa da variância ambiental para a j-ésima característica.

#### 4.3.10. TENDÊNCIA GENÉTICA

A tendência genética para todas as características foi determinada pela regressão das médias anuais das estimativas do valor genético (VG) dos animais, obtidos através das análises uni-característica com o pacote DXMUX que integra o programa DFREML, em relação ao ano de nascimento do animal, segundo o modelo de regressão:

$$y_j = a + b.x_j + \varepsilon_j$$

onde

$y_j$  : é o valor genético médio dos animais nascidos no j-ésimo ano;

$x_j$  : é o j-ésimo ano de nascimento;

a : é a constante da equação;

b : é o coeficiente angulação da equação (coeficiente de regressão linear);

$\varepsilon_j$  ; é o erro aleatório com  $\varepsilon \sim N(0; \sigma_Y^2)$ .

Utilizando o mesmo modelo de regressão, foi determinada a tendência fenotípica da população, através da regressão dos valores fenotípicos médios em função do ano de nascimento. A análise de regressão foi realizada através do programa MICROSOFT EXCEL.

Desse modo, foi possível verificar, por meio de regressão linear, as evoluções genéticas e fenotípicas para todas as características em estudo.

#### 4.3.11. GANHO GENÉTICO E RESPOSTA CORRELACIONADA

Para analisar o potencial seletivo de uma característica, ou seja, a eficiência com que uma característica pode responder à seleção; deve ser realizado o cálculo do ganho genético ( $\Delta G$ ).

De acordo com CARDELLINO e ROVIRA (1987), o ganho genético depende de três fatores:

(1) do grau de exatidão da seleção que é a correlação entre o valor genético do indivíduo e o critério de seleção utilizado;

(2) da intensidade da seleção e

(3) da variação genética aditiva existente na população.

Na linhagem fêmea o cálculo do ganho genético para seleção familiar (irmãs inteiras) foi realizado por:

$$\Delta G = \frac{h}{2} \sqrt{\frac{n}{1 + (n-1)\frac{h^2}{2}}} \cdot i \cdot \sigma_A,$$

em que;

$\Delta G$  = ganho genético ou resposta à seleção por geração;

i = intensidade de seleção;

$\sigma_A$  = desvio padrão genético aditivo direto;

h = raiz quadrada da herdabilidade da característica.

$h^2$  = herdabilidade da característica;

n = número de irmãs por família.

Na linhagem macho o cálculo do ganho genético ( $\Delta G$ ) foi realizado por:

$$\Delta G = i \sigma_A h,$$

em que

$\Delta G$  = ganho genético ou resposta à seleção por geração;

$i$  = intensidade de seleção;

$\sigma_A$  = desvio padrão genético aditivo direto;

$h$  = raiz quadrada da herdabilidade da característica.

O cálculo da resposta correlacionada é utilizado para o estudo de como a seleção para uma característica pode influenciar a outra geneticamente correlacionada. A intensidade e direção da resposta correlacionada dependerão das correlações existentes entre as características. Nas duas linhagens estudadas, as respostas correlacionadas foram calculadas através da fórmula (CARDELLINO e ROVIRA, 1987):

$$CR_Y = i_X \cdot h_X \cdot r_{A_{XY}} \cdot \sigma_{A_Y},$$

onde

$RC_Y$  : resposta correlacionada em Y, quando se seleciona por X;

$i_X$ : intensidade de seleção aplicada em X;

$h_X$ : raiz quadrada da herdabilidade de X;

$r_{A_{XY}}$  : correlação genética entre as características X e Y;

$\sigma_{A_Y}$  : desvio-padrão genético da característica Y.

#### 4.3.12. ÍNDICES DE SELEÇÃO

O índice de seleção foi proposto para combinar em um índice agregado as informações do indivíduo e/ou de seus parentes relativos a um conjunto de características (SILVA, 1980). O método foi desenvolvido para características múltiplas em plantas (SMITH, 1936, apud SILVA, 1980) e estendido para o caso de características múltiplas em animais por HAZEL (1943) apud SILVA (1980).

Pode ser usado em várias situações com a finalidade única de ordenar os candidatos à seleção, por meio da condensação das informações disponíveis num índice de seleção que estima o valor genético dos animais (SILVA, 1980).

A seleção se realiza ordenando as aves da população segundo seus índices e elegendo os de maior pontuação de acordo com a porcentagem que se deseja selecionar (CARDELLINO e ROVIRA, 1987). Com o uso de índices de seleção, se espera o melhoramento simultâneo de várias características. A escolha das características que irão compor o índice leva em consideração a importância econômica, a variabilidade e a herdabilidade de cada característica, além das correlações genéticas e fenotípicas entre essas características.

A seleção baseada em índices de seleção  $I = \sum_i b_i F_i$ , tem como objetivo a maximização do ganho genético em um agregado genético definido por  $H = \sum_i w_i \hat{A}_i$ , onde  $w_i$ ,  $b_i$ ,  $A_i$  e  $F_i$  referem-se ao peso econômico, coeficiente de ponderação, valor genético aditivo e valor fenotípico para a  $i$ -ésima característica. Os coeficientes de ponderação ( $b_i$ ) são determinados de forma que a correlação entre o índice e o agregado ( $r_{IH}$ ) seja máxima. A maximização de  $r_{IH}$  conduz à determinação de  $b$  através do sistema:

$$Pb = Gw,$$

em que

$b$ : é o vetor ( $n \times 1$ ) dos coeficientes de ponderação;

$w$ : é o vetor ( $n \times 1$ ) de coeficientes de pesos econômicos dado pelo modelo de igual

ênfase de Hazel, onde  $\left( w_i = \frac{1}{\sigma_{P_i}} \right)$  sendo  $\sigma_{P_i}$  o desvio padrão fenotípico da  $i$ -ésima

característica;

$P$ : é a matriz ( $n \times n$ ) de variância e covariância fenotípica entre as características;

$G$ : é a matriz ( $n \times n$ ) de variância e covariância genética entre as características.

Os pesos econômicos são tomados com sinal positivo quando o interesse for o aumento da expressão da característica e negativo em caso contrário.

A acurácia do índice ou correlação entre o índice e o agregado é dada por:

$$r_{IH} = \sqrt{\frac{\sigma_I^2}{\sigma_H^2}} = \sqrt{\frac{b'Pb}{w'Gw}},$$

onde

$\sigma_I^2$ : é a variância do índice de seleção;

$\sigma_H^2$ : é a variância do agregado de seleção.

O ganho genético esperado no agregado genotípico, quando a seleção é realizada através do índice é:

$$\Delta G_H = i \cdot r_{HI} \cdot \sigma_H,$$

onde

$i$  : é a intensidade de seleção;

$\sigma_H^2$  : é a variância do agregado de seleção;

$r_{HI}$  : é a correlação entre o índice e o agregado.

O ganho genético em cada uma das características envolvidas no agregado, quando a seleção é realizada através do índice é:

$$\Delta G_i = i \cdot b_{g_i, I} \cdot \sigma_I,$$

onde

$i$  : é a intensidade de seleção;

$\sigma_I$  : é o desvio padrão do índice de seleção;

$$b_{g_i, I} = \frac{\text{cov}(g_i, I)}{\sigma_I^2} = \frac{b' \text{ (coluna } i \text{ da matriz } G)}{\sigma_I^2}.$$

A resposta correlacionada nas características não envolvidas no índice quando a seleção é baseada em  $I$  é:

$$\Delta X_i = i \cdot b_{X_i, I} \cdot \sigma_I,$$

onde

$i$  : é a intensidade de seleção;

$\sigma_I$  : é o desvio padrão do índice de seleção;

$$b_{X_i, I} = \frac{\text{cov}(X_i, I)}{\sigma_I^2}.$$

A importância relativa das características incluídas no índice de seleção pode ser verificada através do procedimento proposto por CUNNINGHAM (1969) apud SILVA (1980):

Sendo o índice original definido por  $I = b'P$  que é utilizado como critério de seleção para o agregado genotípico  $H = w'G$ . O vetor  $b$  é obtido pela solução do sistema de equações, em forma matricial

$$Pb = Gw,$$

com,  $\sigma_I^2 = b'Pb$ ,  $\sigma_H^2 = w'Gw$  e  $r_{IH} = \sqrt{\frac{\sigma_I^2}{\sigma_H^2}}$ .

Eliminando a primeira característica desse índice, o novo índice reduzido conterá um vetor  $(n - 1)$  de valores de B, que são obtidos através da solução do sistema de equações, em forma matricial

$$SB = Ro,$$

onde

S é uma matriz  $[(n-1) \times (n-1)]$  de covariância fenotípica, obtida eliminando as primeiras linha e coluna de P;

Ro é um vetor  $(n-1)$ , resultante da eliminação da primeira linha do vetor Gw.

A variância desse novo índice e sua correlação com o agregado genotípico H, são dados por:

$$\sigma_{I^*}^2 = B'SB$$

$$r_{IH}^* = \sqrt{\frac{B'SB}{\sigma_H^2}}.$$

A diferença entre  $r_{IH}$  e  $r_{IH}^*$  fornece a importância da característica excluída do índice original.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. LINHAGEM FÊMEA (PP) – GRUPO I

#### 5.1.1. ANÁLISE DESCRITIVA

A descrição estatística das características analisadas nesse grupo é apresentada na Tabela 5.1 e sua representação gráfica na Figura 5.1.

Tabela 5.1 - Número total de aves (n), Média ( $\bar{X}$ ); Desvio-Padrão (S); Coeficiente de Variação (CV); Menor valor observado (Min) e Maior valor observado (Max).

Característica	n	$\bar{X}$	S	CV %	Min	Max
P28 (g)	4451	1036,54	147,72	14,25	720	1480
IMS (dias)	4470	211,97	15,97	7,53	164	245
PD35 (%)	4386	61,71	14,84	24,04	10,39	97,22
PD64 (%)	4322	59,80	12,14	20,30	12,00	91,39

P28: peso vivo aos 28 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idades; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

O peso corporal médio aos 28 dias de idade foi de 1036,54g com desvio padrão de 147,72g, sendo superior aos 606g encontrados por LEDUR et al. (1992). BHARAT e SING (1998) relatam idade média à maturidade sexual de 190,55 dias, inferior ao encontrado nesse trabalho, com média de 211,97 e desvio padrão de 15,97. A produção média de ovos observada foi de 61,71 com desvio padrão de 14,84% e 59,80 com desvio

padrão de 12,14%, respectivamente, para produção acumulada as 35 e 64 semanas de idade, semelhantes ao relatado por LEDUR et al. (1994), que variou entre 56,29% com desvio padrão de 0,49% e 59,06% com desvio padrão de 0,62%, para produção de ovos até as 40 semanas de idade para duas linhagens de matrizes. Os coeficientes de variação encontrados para as características peso aos 28 dias (g), produção de ovos as 35 e às 64 semanas (%) foram moderadamente altos, 14,25% e 24,04%, indicando a presença de alta variabilidade fenotípica nas características. Essa variabilidade é importante quando a característica é de interesse em processos de seleção, entretanto, para que o processo de seleção tenha sucesso é necessário saber quanto dessa variabilidade fenotípica é devida à variação genética entre os indivíduos, através do conhecimento dos parâmetros genéticos das características.

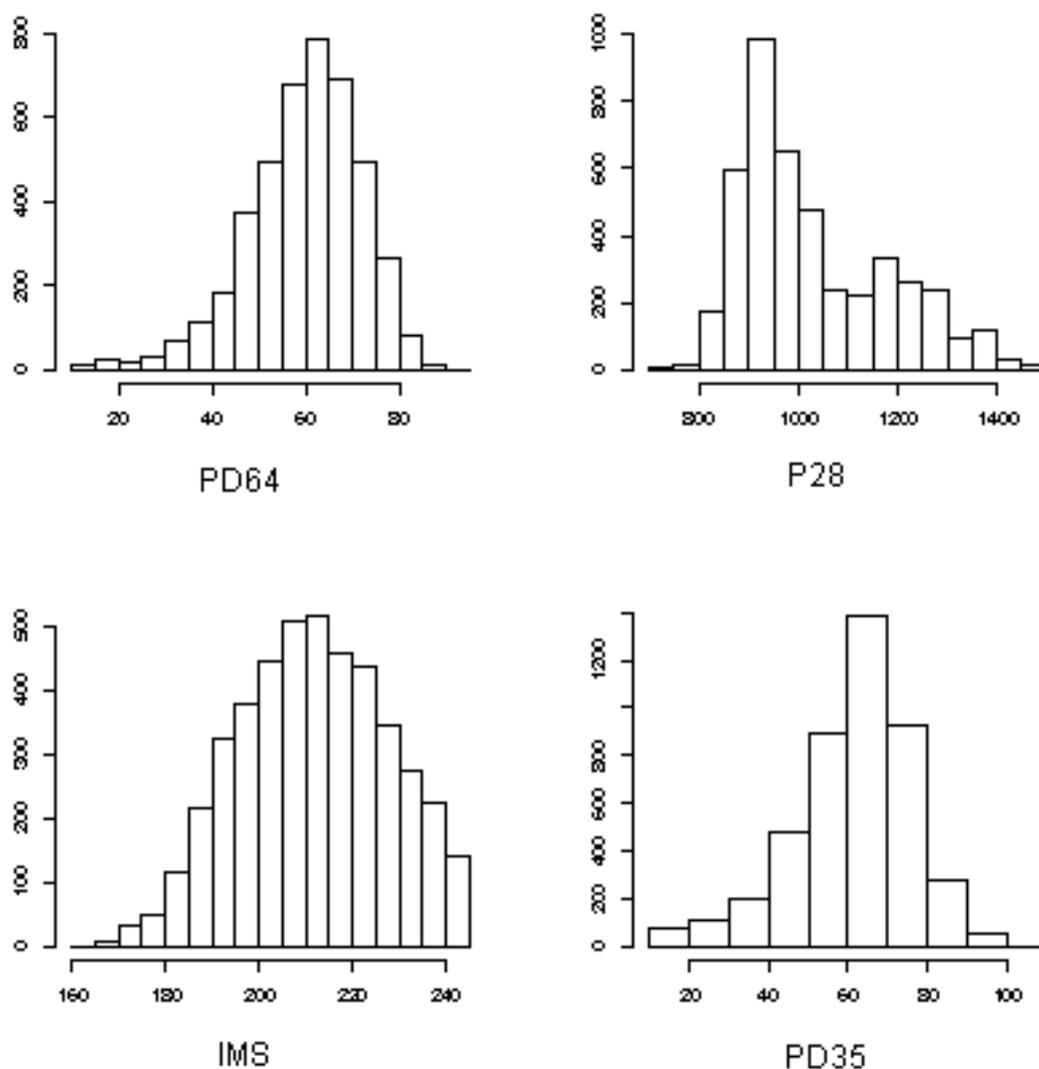


Figura 5.1 – Histogramas das características P28(g), IMS(dias), PD35(%) e PD64(%).

### 5.1.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA

Os componentes de variância e covariância obtidos das análises uni-característica e bi-características, realizadas através do programa DFREML são apresentados nas Tabelas 5.2, 5.3 e 5.4.

Tabela 5.2 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias genéticas das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P28	IMS	PD35	PD64
P28	594,21 <sup>1</sup> (593,99) <sup>2</sup>			
IMS	63,42 (63,34)	76,18 (76,27)		
PD35	-26,93 (-31,82)	-35,18 (-35,34)	23,03 (23,05)	
PD64	-47,65 (-47,61)	-10,00 (-10,02)	12,84 (12,84)	24,85 (24,87)

P28: peso vivo aos 28 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI.

Tabela 5.3 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias ambiental das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P28	IMS	PD35	PD64
P28	2707,90 <sup>1</sup> (2708,00) <sup>2</sup>			
IMS	11,54 (11,61)	124,99 (124,88)		
PD35	-10,72 (-6,30)	-19,08 (-18,88)	149,18 (149,16)	
PD64	25,48 (25,42)	8,49 (8,50)	42,16 (42,15)	103,62 (103,82)

P28: peso vivo aos 28 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI

Tabela 5.4 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias fenotípica das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P28	IMS	PD35	PD64
P28	3302,10 <sup>1</sup> (3302,00) <sup>2</sup>			
IMS	74,96 (74,94)	201,17 (201,15)		
PD35	-37,66 (-38,12)	-54,26 (-54,23)	172,21 (172,21)	
PD64	-22,17 (-22,19)	-1,51 (-1,52)	55,00 (54,99)	128,67 (128,69)

P28: peso vivo aos 28 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idades; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI

De modo geral, os componentes de variância e covariância, genética, fenotípica e ambiental, estimados usando os algoritmos DF e AI, através do programa DFREML, na mesma estrutura de população, apresentaram diferenças de pequena relevância.

### 5.1.3. HERDABILIDADES

As estimativas de herdabilidades para as características, apresentadas na Figura 5.2, são resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI. Não houve diferença nos valores estimados.

Em geral, as herdabilidades encontradas foram de baixas a moderadas. A herdabilidade para peso aos 28 dias, 0,18 com erro padrão de 0,03, foi inferior às relatadas por LEDUR et al. (1992), que variaram de 0,34 a 0,56 em duas linhagens através de diferentes métodos; dentro do intervalo 0,16 a 0,21 relatado por MALLIK et al. (2003) e próxima da descrita por KUMAR (2004) que foi de 0,22. A herdabilidade para idade à maturidade sexual foi moderadamente alta, 0,38 com erro padrão de 0,04, semelhante às descritas por CUSTÓDIO (1997), 0,36; SCHMIDT et al. (1997), 0,31; e SINGH et al. (2000), 0,44; um pouco superior às relatadas por SINGH et al. (1999 e 2001), 0,18 a 0,30; dentro do intervalo 0,18 a 0,63 descrito por DANBARO et al. (1995) e superior ao intervalo 0,03 a 0,17, relatado por BHARAT e SINGH (1998). As herdabilidades para produção de ovos acumulada as 35 e 64 semanas de idade foram relativamente baixas, 0,13 com erro padrão de 0,02 e 0,19 com erro padrão de 0,03;

respectivamente, sendo semelhantes às apresentadas por SCHMIDT et al. (1997), 0,16; e SINGH et al. (2000), 0,16; entretanto, inferiores às descritas por LEDUR et al. (1994), entre 0,30 e 0,31; LOPES e QUAAS (1997), 0,34; e SINGH et al. (1999), 0,25.

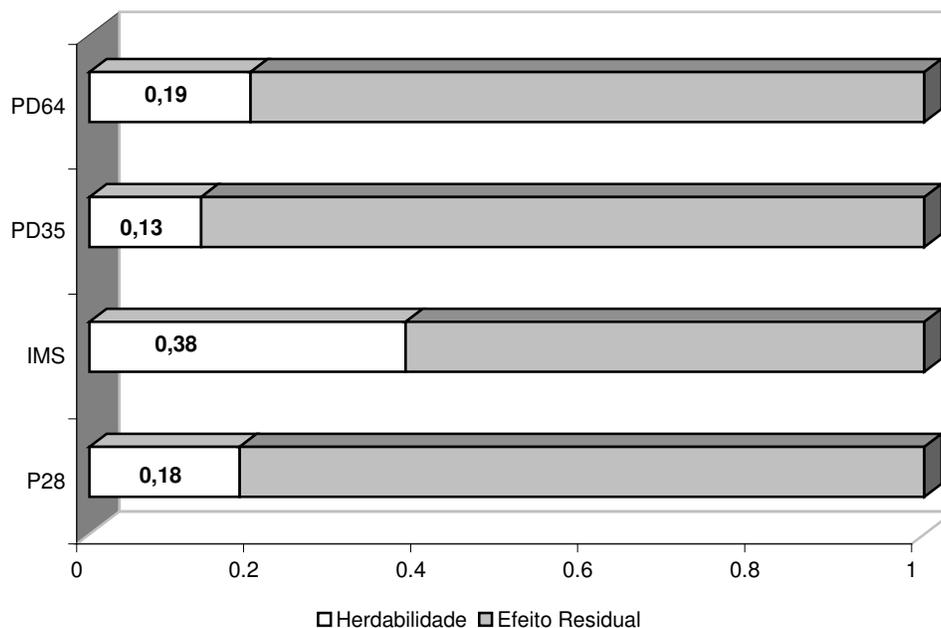


Figura 5.2 – Proporção da variação total devida aos efeitos genéticos aditivos diretos (herdabilidade) e aos efeitos residuais

#### 5.1.4. CORRELAÇÕES GENÉTICA E FENOTÍPICA

As estimativas de correlações fenotípica, genética e ambiental entre as características estudadas, são apresentadas na Tabela 5.5.

Segundo CARDELLINO e ROVIRA (1987), o grau de correlação genética entre duas características é importante para controlar diretamente a mudança genética de uma característica quando a seleção é feita através da sua característica correlacionada. Deste modo, a seleção por peso aos 28 dias pode influenciar a idade à maturidade sexual, produção de ovos as 35 e às 64 semanas, uma vez que suas correlações genéticas são moderadas, 0,30; -0,23 e -0,39; respectivamente. Assim, aves com maior peso corporal aos 28 dias de idade atingem a maturidade sexual mais tarde e apresentam menor produção de ovos. Deste modo, o uso do peso aos 28 dias como critério de seleção é capaz de exercer grande influência sobre a elevação da idade de maturidade sexual e redução da produção de ovos.

Tabela 5.5 – Estimativas de correlações fenotípica ( $r_P$ ), genética ( $r_A$ ) e ambiental ( $r_E$ ) entre as características analisadas, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	$r_P$	$r_A$	$r_E$
P28 x IMS	0,10 <sup>1</sup> (0,10) <sup>2</sup>	0,30 (0,30)	0,02 (0,02)
P28 x PD35	-0,05 (-0,05)	-0,23 (-0,27)	-0,02 (-0,01)
P28 x PD64	-0,03 (-0,03)	-0,39 (-0,39)	0,05 (0,05)
IMS x PD35	-0,29 (-0,29)	-0,78 (-0,78)	-0,14 (-0,14)
IMS x PD64	-0,01 (-0,01)	-0,22 (-0,22)	0,08 (0,08)
PD35 x PD64	0,39 (0,39)	0,50 (0,50)	0,36 (0,36)

P28: peso vivo aos 28 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI

A seleção a favor da redução da idade à maturidade sexual (IMS) resulta num impacto favorável à produção de ovos, já que suas correlações genéticas com produção de ovos às 35 (PD35) e 64 (PD64) semanas, são moderadamente altas e negativas (-0,78 e -0,22; respectivamente), indicando que quanto menor a idade à maturidade sexual maior será a produção de ovos, como seria esperado. Essas estimativas de correlação genética foram semelhantes àquela encontrada por SCHMIDT et al. (1997) que foi de -0,74.

Em todas as situações, a contribuição da correlação genética à correlação fenotípica é sempre superior à correlação ambiental, pois se tratam de características com herdabilidades moderadas. Assim, ganhos genéticos podem ser alcançados através da seleção, se forem atribuídos pesos adequados a cada característica.

### 5.1.5. TENDÊNCIAS GENÉTICA E FENOTÍPICA

Os gráficos das tendências genéticas e fenotípicas das características analisadas são apresentados nas Figuras 5.3 a 5.10.

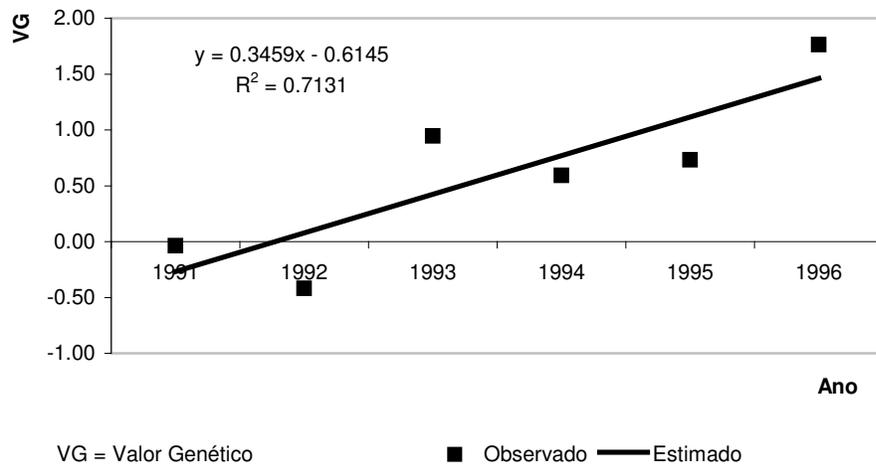


Figura 5.3 – Tendência genética para peso aos 28 dias de idade (g)

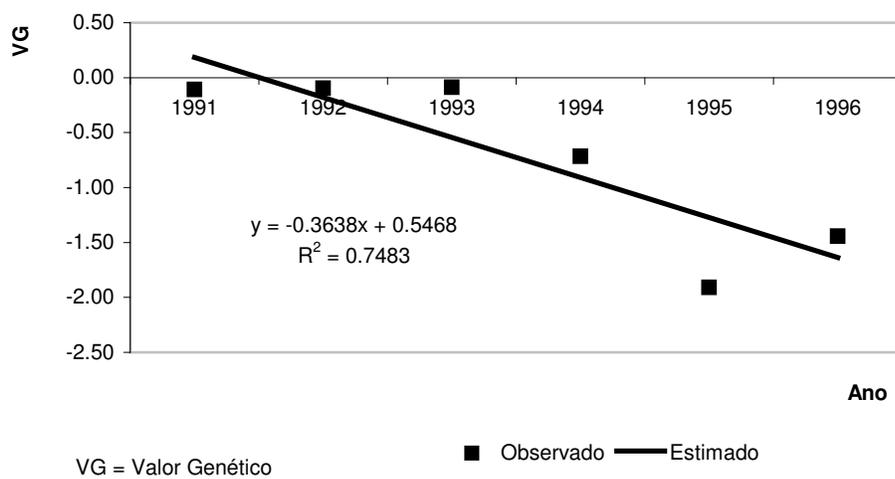


Figura 5.4 – Tendência genética para idade à maturidade sexual (dias)

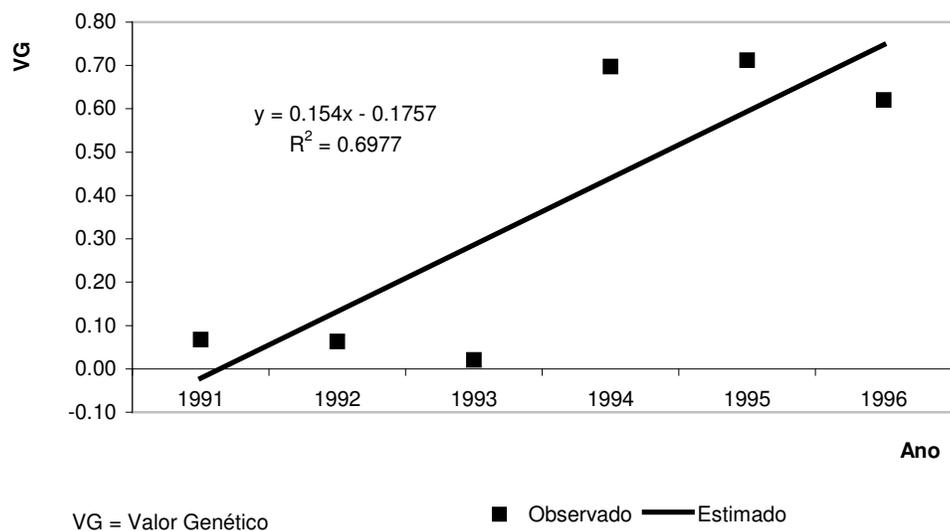


Figura 5.5 – Tendência genética produção de ovos até a 35ª semana de idade (%)

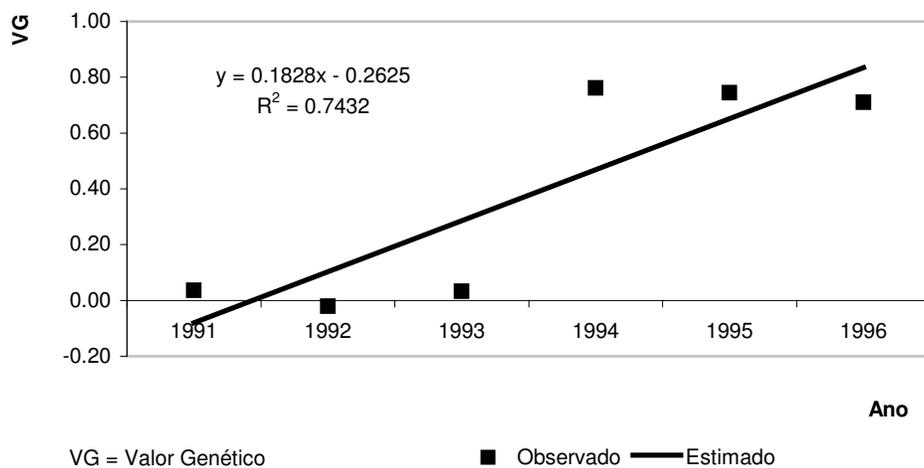


Figura 5.6 – Tendência genética produção de ovos até a 64ª semana de idade (%)

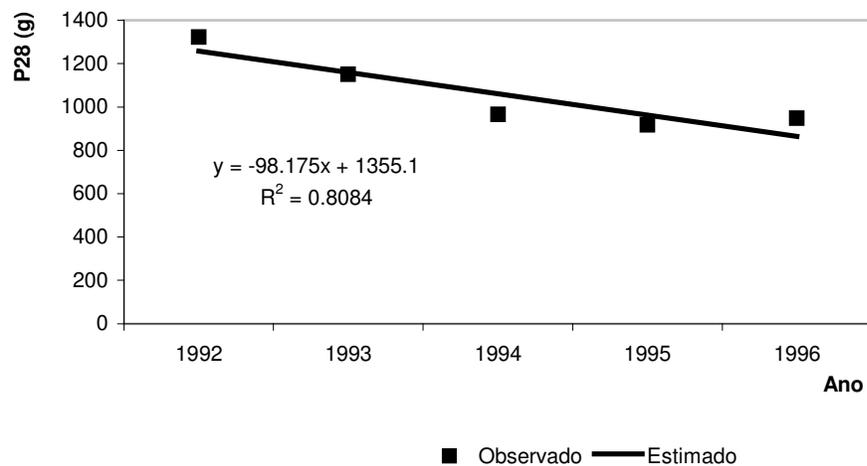


Figura 5.7 – Tendência fenotípica para peso aos 28 dias de idade

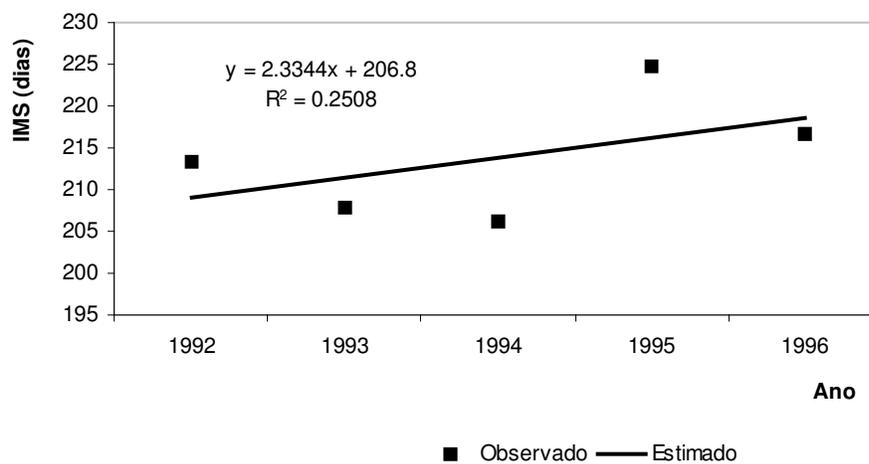


Figura 5.8 – Tendência fenotípica para idade à maturidade sexual

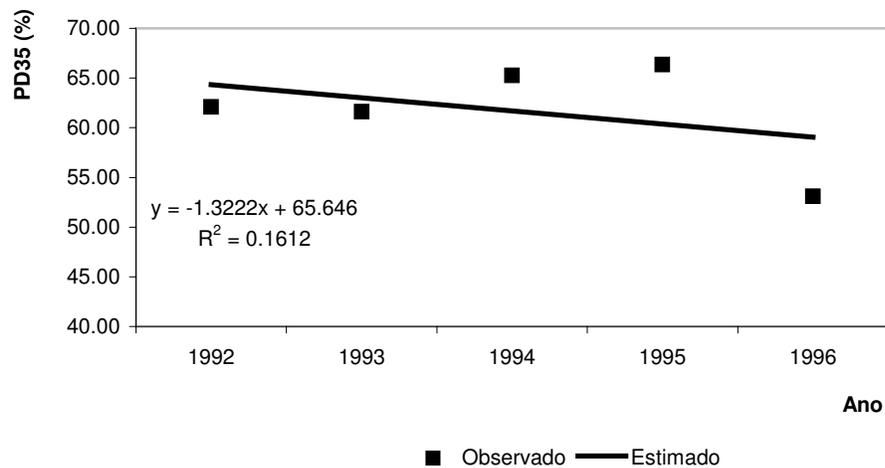


Figura 5.9 – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 35ª semana de idade

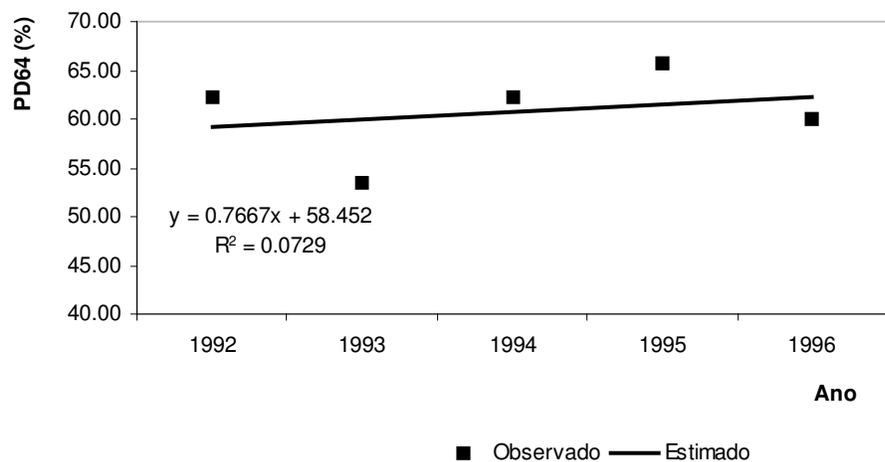


Figura 5.10 – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 64ª semana de idade

As tendências genéticas para as características P28, PD35 e PD64 foram significativas ( $p < 0,05$ ) e crescentes, indicando que, ao longo das gerações das aves da linhagem estudada, as características P28, PD35 e PD64, tendem a aumentar.

A tendência fenotípica para a característica P28 foi significativa ( $p < 0,05$ ) e decrescente, indicando que houve um declínio fenotípico juntamente com aumento genético anual, provavelmente de origem ambiental.

Para a característica IMS, a tendência genética foi significativa ( $p < 0,05$ ) e decrescente, indicando que, ao longo do trabalho de seleção, a IMS das aves da linhagem estudada, tende a diminuir, representando um progresso genético.

As tendências fenotípicas para as características IMS, PD35 e PD64 não foram significativas ( $p > 0,05$ ).

A tendência genética para as características de produção de ovos tem sido estudada por alguns autores. CHUNG et al. (1999) descrevem uma tendência genética para idade à maturidade sexual de  $-2,59$  dias, de 11,9 ovos para produção de ovos até a 43ª semana de idade e de 5,70 ovos para produção de ovos da 44ª a 57ª semana de idade e, ZEIBA et al. (2003) relatam tendência genética para idade à maturidade sexual de  $-0,62$  dia, para produção de ovos nas primeiras 15 semanas de 0,69 ovo e para produção de ovos durante as 44 semanas de idade de 2,64, evidenciando os progressos alcançados ao longo do trabalho de seleção.

#### **5.1.6. ANÁLISE DO POTENCIAL SELETIVO DAS CARACTERÍSTICAS**

Para analisar o potencial seletivo de uma característica, os ganhos genéticos esperados para seleção familiar (irmãs inteiras) foram preditos.

O valor utilizado para a intensidade de seleção foi de 1,5158; o que corresponde a uma proporção de 16% de fêmeas selecionadas (CARDELLINO e ROVIRA, 1987). Para o desvio padrão genético aditivo e a herdabilidade foram utilizados os valores fornecidos pelo programa DFREML.

As estimativas do ganho genético obtido são apresentadas na Tabela 5.6.

Tabela 5.6 – Estimativas de ganho genético por geração, em valor absoluto e em relação à média, para as características em estudo, considerando diferentes números (n) de irmãs por família.

Característica	Ganho genético esperado por geração			Ganho genético esperado por geração, em relação à média da característica (%)		
	n					
	4	6	8	4	6	8
P28 (g)	13,75	15,77	17,25	1,32	1,52	1,66
IMS (dias)	6,56	7,18	7,59	3,09	3,39	3,58
PD35 (%)	2,01	2,34	2,58	3,26	3,79	4,18
PD64 (%)	2,92	3,35	3,64	4,88	5,60	6,07

P28: peso vivo aos 28 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

Em qualquer situação, a característica com maior potencial seletivo é produção de ovos acumulada às 64 semanas de idade, apresentando um ganho genético esperado variando de 4,88% a 6,07% em relação à sua média, por geração de seleção, apesar de ter uma herdabilidade relativamente baixa (0,19).

As características IMS e PD35 também apresentaram uma boa capacidade de resposta à seleção, com ganho genético esperado variando de 3,09% a 3,58% e 3,26% a 4,18%, respectivamente.

O menor potencial seletivo foi encontrado para a característica peso aos 28 dias de idade, com ganho genético esperado variando de 1,32% a 1,66%, o que significa uma resposta à seleção mais demorada. A seleção feita somente através de idade à maturidade e produção de ovos pode perder em objetividade, dado que se trata de linhagem de corte e peso corporal é importante.

A seleção através de características com maior potencial seletivo é recomendada quando melhorias urgentes nas características são necessárias, independentemente se as características são fáceis ou não de mensurar. Em não havendo necessidade de melhorias urgentes, pode-se obter um ganho genético mais lento, porém não menos eficiente, utilizando-se características com menor potencial seletivo.

### 5.1.7. COMPARAÇÃO ENTRE OS ALGORITMOS DFREML E AIREML, QUANTO À UTILIZAÇÃO DE RECURSOS COMPUTACIONAIS.

A Tabela 5.7, resume o tempo computacional, número de iterações realizadas e o número de verossimilhanças calculadas, em cada algoritmo, para um critério de convergência de  $10^{-8}$ , através do programa DFREML.

Tabela 5.7 – Tamanho da amostra (n), tempo de processamento (Tp), número de verossimilhanças calculadas (Nv) e número de iterações realizadas (Ni), pelos algoritmos DF e AI.

	n	Tp (segundos)		Nv		Ni	
		DF	AI	DF	AI	DF	AI
P28 x IMS	4443	62	28	34	2	2	1
P28 x PD35	4361	96	32	52	6	3	3
P28 x PD64	4295	281 <sup>1</sup>	48	366 <sup>1</sup>	10	10 <sup>1</sup>	5
IMS x PD35	4380	72	25	19	4	1	2
IMS x PD64	4313	70	28	34	4	2	2
PD35 x PD64	4247	58	29	36	6	2	3

P28: peso vivo aos 28 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : indica a soma de várias rodadas até a convergência

As análises foram realizadas em um computador Pentium IV, 2,4GHz e 256MbRAM. Os valores iniciais fornecidos para dar início ao processo de convergência foram os mesmos nos dois algoritmos. A velocidade de convergência do algoritmo AIREML foi muito superior à do DFREML e forneceu estimativas com diferenças irrelevantes. Esses resultados devem ser vistos como indicativo do desempenho dos dois algoritmos, pois o “ranking” de velocidades observadas pode variar entre computadores. Além disso, esse “ranking” de velocidades depende dos valores iniciais, da escolha inicial SIMPLEX ou POWELL no DFREML.

## 5.2. LINHAGEM FÊMEA (PP) – GRUPO II

### 5.2.1. ANÁLISE DESCRITIVA

A análise descrição estatística das características analisadas está apresentada na Tabela 5.8 e sua representação gráfica na Figura 5.11.

Tabela 5.8 - Número total de aves (n), Média ( $\bar{X}$ ); Desvio-Padrão (S); Coeficiente de Variação (CV); Menor valor observado (Min) e Maior valor observado (Max).

Característica	n	$\bar{X}$	S	CV %	Min	Max
P42 (g)	1962	1799,09	120,52	6,70	1450	2150
IMS (dias)	1962	200,38	23,55	11,76	150	245
PD35 (%)	1907	71,04	11,02	15,52	23,33	97,30
PD64 (%)	1933	68,28	10,78	15,78	29,95	92,41

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

O peso corporal médio aos 42 dias de idade foi de 1799,09 com desvio padrão de 120,52g, sendo superior ao encontrado por LEDUR et al. (1992) que variou entre 839,11g e 1151,04g, ao relatado por MALLIK et al. (1997), 1057,92g. SCHMIDT et al. (1992) relatam peso médio aos 42 dias de idade de 1345,8 com desvio padrão de 415g, inferior ao encontrado nesse trabalho. Com relação à idade média de maturidade sexual SCHMIDT et al. (1992) relatam valores variando entre 148,75 com desvio padrão de 9,93 dias e 151,7 com desvio padrão de 10,42 dias e BHARAT e SING (1998) encontraram idade média de 190,55 dias, valores inferior ao encontrado nesse grupo, média de 200,38 com desvio padrão de 23,55. A produção média de ovos observada foi de 71,04 com desvio padrão de 11,02% e 68,28 com desvio padrão de 10,78%, respectivamente, para produção às 35 e 64 semanas de idade. Esses valores foram superiores aos relatados por LEDUR et al. (1994), que variaram entre 56,29 com desvio padrão de 0,49% e 59,06 com desvio padrão de 0,62% para produção de ovos até às 40 semanas de idade de duas linhagens de matrizes. Os coeficientes de variação encontrados para as características IMS (dias), PD35 (%) e PD64 (%) foram moderadamente altos, variando de 11,76% a 15,78%. Isso indica alta variabilidade para as características avaliadas.

Essa variabilidade é importante para processos de seleção, entretanto, para haver sucesso é necessário o conhecimento dos parâmetros genéticos das características.

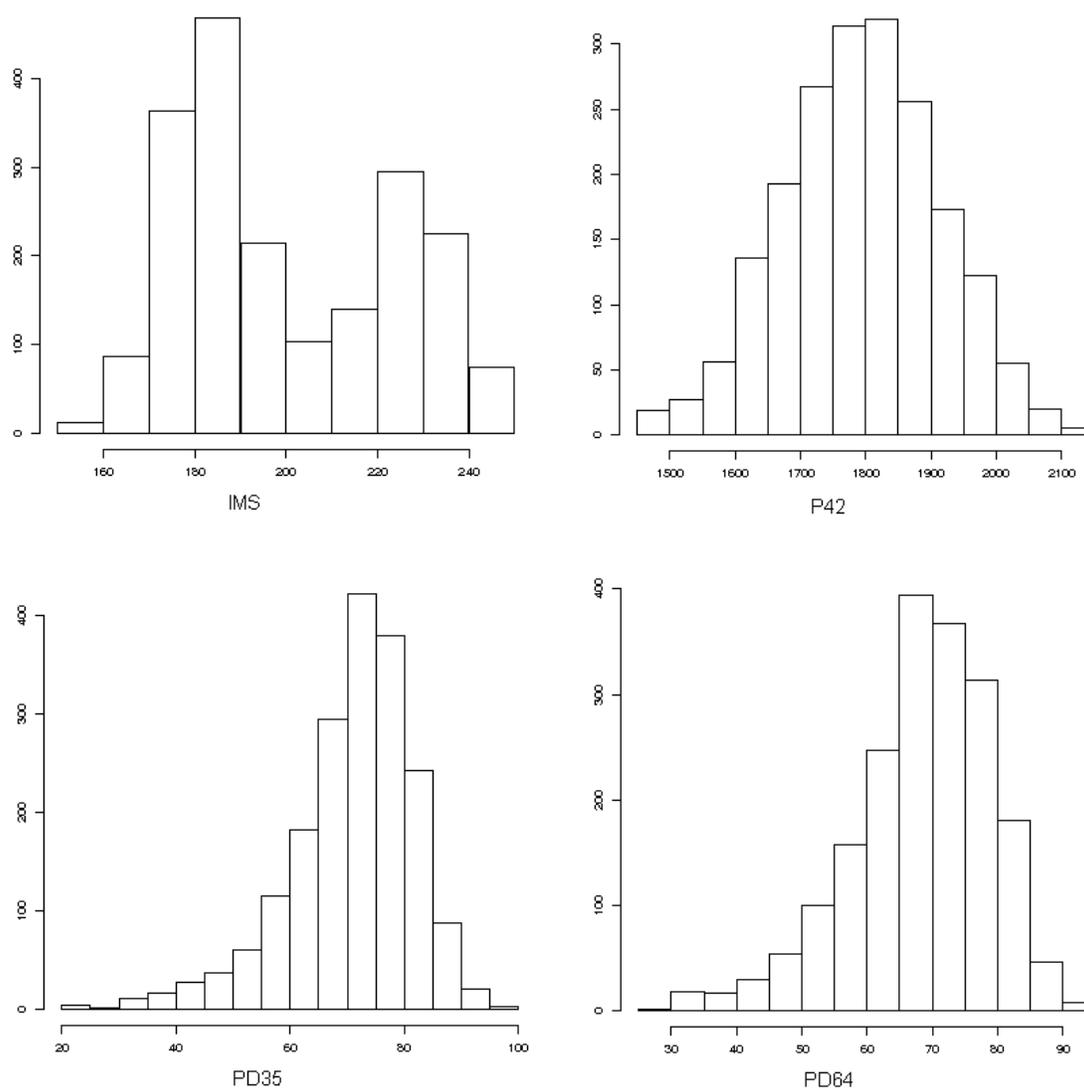


Figura 5.11 – Histogramas das características P42(g), IMS(dias), PD35(%) e PD64(%).

## 5.2.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA

Os componentes de variância e covariância obtidos, das análises uni-característica e bi-características, realizadas através do programa DFREML são apresentados nas Tabelas 5.9, 5.10, 5.11.

Tabela 5.9 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias genéticas das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P42	IMS	PD35	PD64
P42	3888,10 <sup>1</sup> (3816,70) <sup>2</sup>			
IMS	73,48 (73,27)	24,50 (24,75)		
PD35	-78,48 (-80,20)	-11,07 (-11,07)	28,91 (28,91)	
PD64	-90,51 (-91,62)	-4,25 (-4,25)	12,97 (13,12)	28,63 (28,98)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI.

Tabela 5.10 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias ambiental das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P42	IMS	PD35	PD64
P42	6546,00 <sup>1</sup> (6602,70) <sup>2</sup>			
IMS	46,95 (47,13)	90,27 (90,17)		
PD35	-8,46 (-7,30)	-20,71 (-20,71)	92,55 (92,56)	
PD64	-26,52 (-25,96)	-0,45 (-0,45)	40,65 (40,47)	88,76 (88,44)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI.

Tabela 5.11 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias fenotípica das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P42	IMS	PD35	PD64
P42	10434,00 <sup>1</sup> (10419,00) <sup>2</sup>			
IMS	120,44 (120,39)	114,77 (114,92)		
PD35	-86,94 (-87,50)	-31,78 (-31,78)	121,47 (121,46)	
PD64	-117,03 (-117,57)	-4,70 (-4,70)	53,61 (53,59)	117,38 (117,42)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI.

Os componentes de variância e covariância, genética, fenotípica e ambiental, estimados usando os algoritmos DF e AI, através do programa DFREML, na mesma estrutura de população, apresentaram, de modo geral diferenças de pequena relevância.

### 5.2.3. HERDABILIDADES

As herdabilidades estimadas para as características, através do programa DFREML, são apresentadas na Figura 5.12. Não foi observada diferença nas estimativas entre os algoritmos DF e AI.

No geral as herdabilidades encontradas foram moderadas, o que significa que diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis, em grande parte, pela variação fenotípica da característica. Isso nos fornece confiança para prever valores genéticos através dos valores fenotípicos.

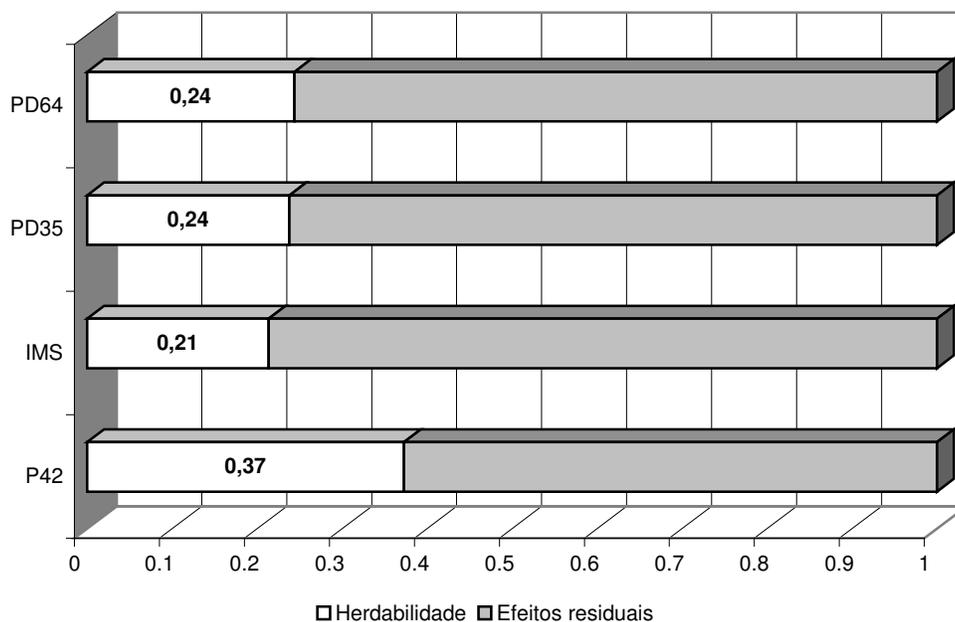


Figura 5.12 – Proporção da variância total devida aos efeitos genéticos aditivos diretos (herdabilidade) e aos efeitos residuais

A herdabilidade para peso aos 42 dias de idade, 0,37 com erro padrão de 0,05, está dentro dos limites relatado por LEDUR et al. (1992 e 1994), 0,27 a 0,56 e 0,26 a 0,44, em duas linhagens através de diferentes metodologias, CARDELLINO e ROVIRA (1987), 0,30 a 0,50 e SINGH e TREHAN (1994), 0,30 a 0,52. Semelhante aos valores apresentados por AZEVEDO Jr. et al. (2002), 0,33, MALLIK et al. (1997), 0,38, superior aos intervalos relatados por SCHMIDT et al. (1992), 0,30 a 0,32 e MALLIK et al. (2003), 0,13 a 0,23, superior ao valor citado por ARGENTÃO et al. (2002), 0,33 e SINGH et al. (1998), 0,11 e inferior ao valor relatado por RANCE et al. (2002), 0,52. É um valor moderadamente alto, o que significa que a característica P42 pode fornecer uma resposta eficiente à seleção fenotípica. A herdabilidade para idade à maturidade sexual foi moderada, 0,21 com erro padrão de 0,04, semelhante às relatadas por SINGH et al. (1999 e 2001), 0,25 e 0,18, dentro da variação apresentada por CARDELLINO e ROVIRA (1987), 0,20 a 0,40, e DANBARO et al. (1999), 0,18 a 0,63 e inferiores às descritas por CUSTÓDIO (1997), 0,36, SCHMIDT et al. (1997), 0,31 e SINGH et al. (2000), 0,44.

A herdabilidade para idade à maturidade sexual nesse grupo foi inferior à obtida no primeiro grupo de aves analisadas, 0,38 com erro padrão de 0,04, possivelmente por fatores ambientais, já que as aves do segundo grupo foram pré-selecionadas através do peso corporal mais tardio (aos 42 dias de idade). Entretanto, a característica idade à maturidade sexual ainda pode fornecer resultados significativos à seleção. As herdabilidades para produção de ovos foram moderadas, 0,24 com erro padrão de 0,05 e

0,24 com erro padrão de 0,04, acumulada às 35 e 64 semanas de idade respectivamente), sendo semelhantes às apresentadas por SINGH et al. (1999), 0,25, superiores às relatadas por SCHMIDT et al. (1997), 0,17, e SINGH et al. (2000), 0,16. Entretanto, foram inferiores às descritas por LEDUR et al. (1994) para duas linhagens, 0,30 e 0,31 e por LOPES e QUAAS (1997), 0,34. Apesar de serem moderadas, as herdabilidades observadas para produção de ovos indicam que se pode obter ganhos genéticos significativos na seleção por essa característica.

#### 5.2.4. CORRELAÇÕES GENÉTICA E FENOTÍPICA

As estimativas de correlações fenotípica, genética e ambiental entre as características estudadas, são apresentadas na Tabela 5.12.

Tabela 5.12 – Estimativas de correlações fenotípica ( $r_P$ ), genética ( $r_A$ ) e ambiental ( $r_E$ ) entre as características analisadas, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e o AI.

	$r_P$	$r_A$	$r_E$
P42 x IMS	0,11 <sup>1</sup> (0,11) <sup>2</sup>	0,24 (0,24)	0,06 (0,06)
P42 x PD35	-0,08 (-0,08)	-0,23 (-0,23)	-0,01 (-0,01)
P42x PD64	-0,11 (-0,11)	-0,28 (-0,28)	-0,03 (-0,03)
IMS x PD35	-0,28 (-0,28)	-0,42 (-0,42)	-0,23 (-0,23)
IMS x PD64	-0,04 (-0,04)	-0,16 (-0,16)	-0,01 (-0,01)
PD35 x PD64	0,47 (0,47)	0,47 (0,47)	0,46 (0,46)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI

Pode-se observar que não houve diferença entre os valores estimados pelos algoritmos DF e o AI. Em todas as situações analisadas, a contribuição da correlação

genética à correlação fenotípica é superior à correlação ambiental indicando que grande parte da correlação fenotípica observada é devido à correlação genética. Desse modo, ganhos genéticos podem ser alcançados através da seleção, se atribuídos a cada característica pesos adequados.

O grau de correlação genética entre duas características é importante para controlar diretamente a mudança genética da característica quando outra é selecionada (CARDELLINO e ROVIRA, 1987). As correlações genéticas observadas são consideravelmente altas, indicando que bons resultados podem ser obtidos através de respostas correlacionadas.

A correlação genética entre, peso aos 42 dias e idade à maturidade sexual (0,24) indica uma relação positiva e moderada entre as características, pois, quanto maior o peso aos 42 dias mais elevada a idade à maturidade sexual. As correlações genéticas entre peso aos 42 dias e produção de ovos (-0,23 e -0,28), respectivamente para PD35 e PD64, foram semelhantes ao valor relatado por LEDUR et al. (1994), -0,26 e indicam que quanto maior o peso aos 42 dias de idade, menor a produção de ovos. Desse modo, a seleção por maior peso aos 42 dias de idade pode influenciar a idade à maturidade sexual e à produção de ovos. Aves com maior peso corporal aos 42 dias de idade atingem a maturidade sexual mais tarde e apresentam produção de ovos reduzida. Assim, o uso de P42 como critério de seleção é capaz de exercer grande influência sobre a elevada idade de maturidade sexual e baixa produção de ovos, o que geralmente não é o desejado em uma linhagem fêmea.

A seleção através da idade à maturidade sexual resulta num impacto favorável à produção de ovos, principalmente na taxa de produção às 35 semanas de idade (-0,42), indicando que, quanto menor a idade à maturidade sexual, maior será a produção de ovos, como era esperado. É claro que, em se tratando de linhagem de corte, não se deve, simplesmente, descartar a seleção para maior peso aos 42 dias, e sim aplicar pesos adequados em cada característica de interesse de modo que se obtenha ganhos genéticos significativos.

#### **5.2.5. TENDÊNCIAS GENÉTICA E FENOTÍPICA**

Os gráficos das tendências genéticas e fenotípicas das características analisadas são apresentados nas Figuras 5.13 à 5.20.

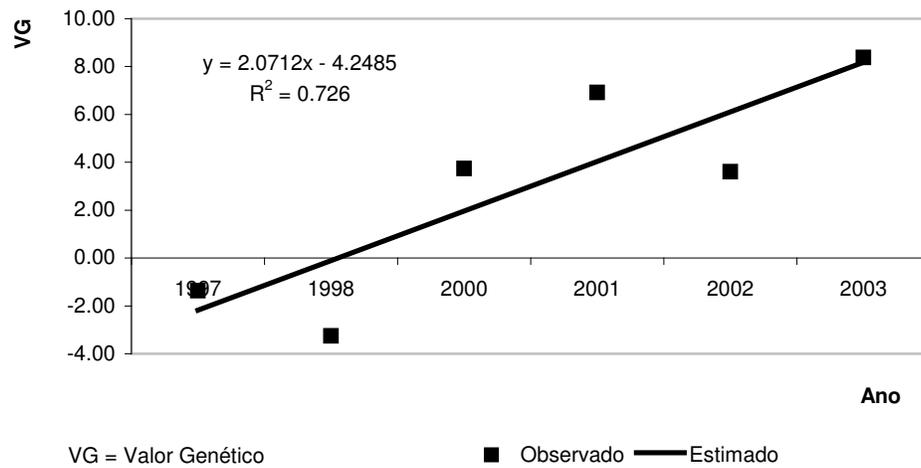


Figura 5.13 – Tendência genética para peso aos 42 dias de idade (g)

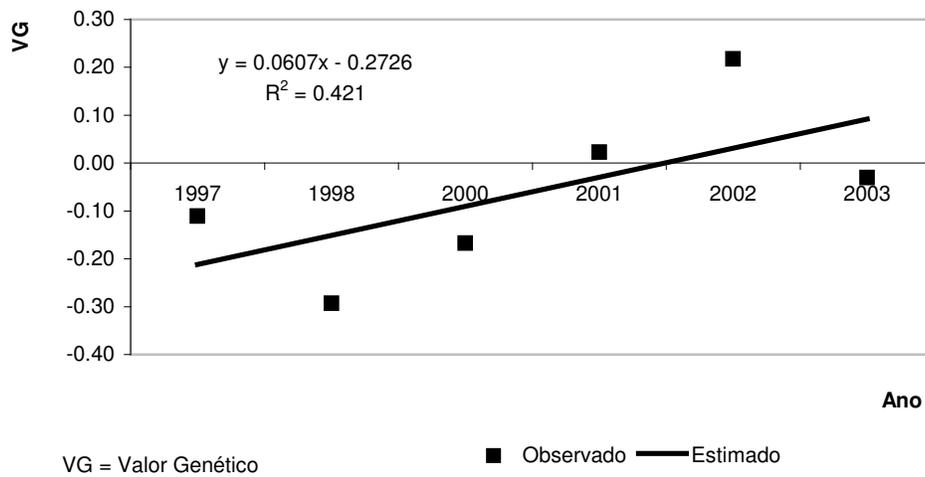


Figura 5.14 – Tendência genética para idade à maturidade sexual (dias)

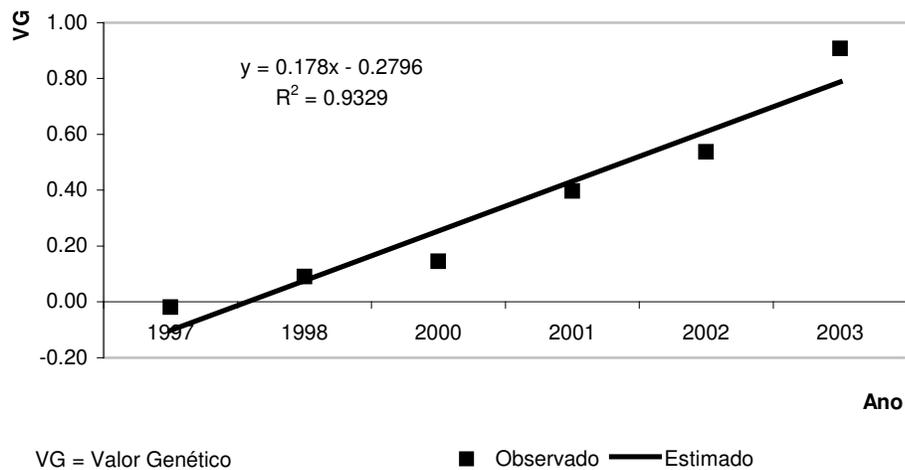


Figura 5.15 – Tendência genética para produção de ovos até a 35ª semana de idade (%)

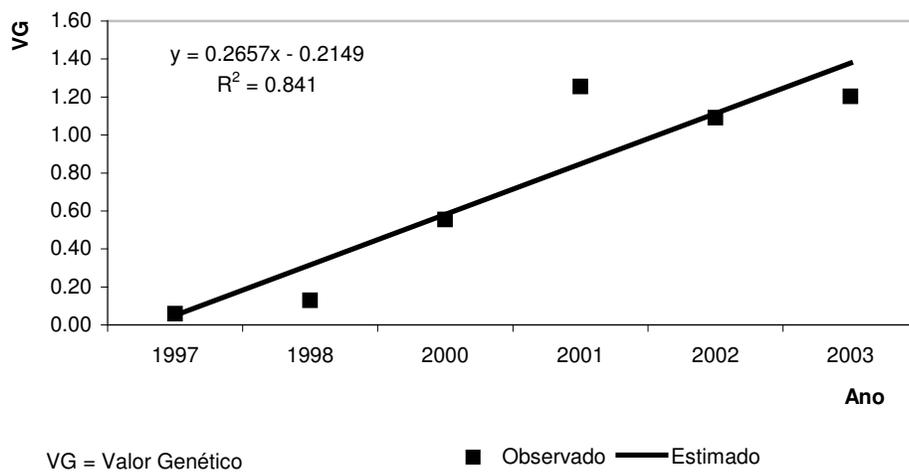


Figura 5.16 – Tendência genética para produção de ovos até a 64ª semana de idade (%)

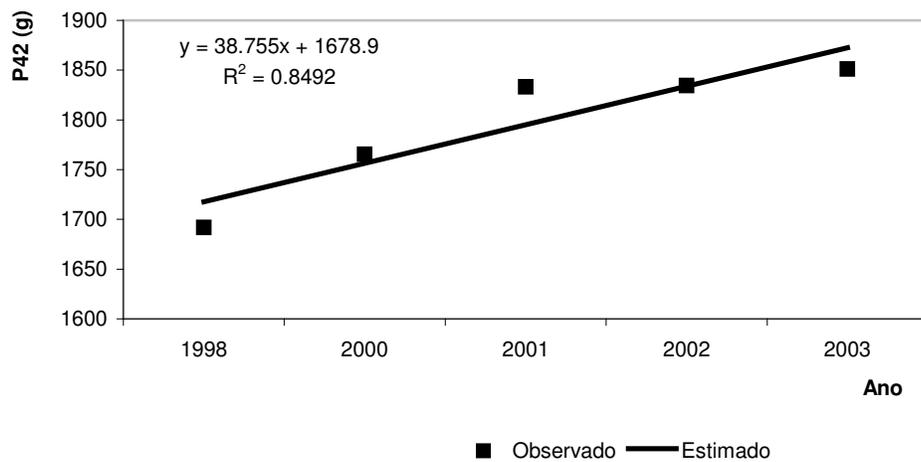


Figura 5.17 – Tendência fenotípica para peso aos 42 dias de idade

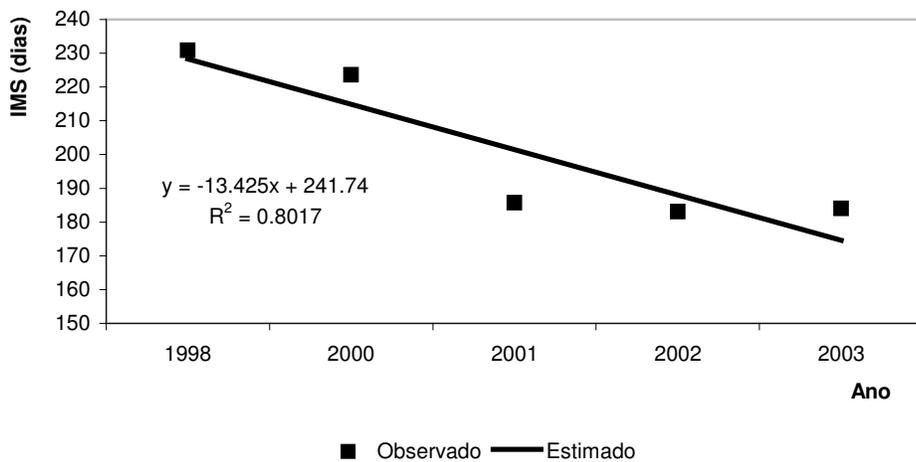


Figura 5.18 – Tendência fenotípica para idade à maturidade sexual

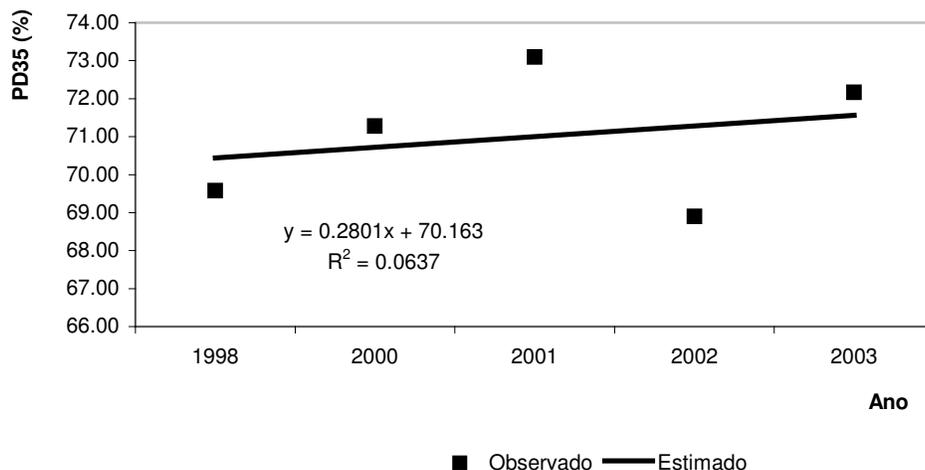


Figura 5.19 – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 35ª semana de idade

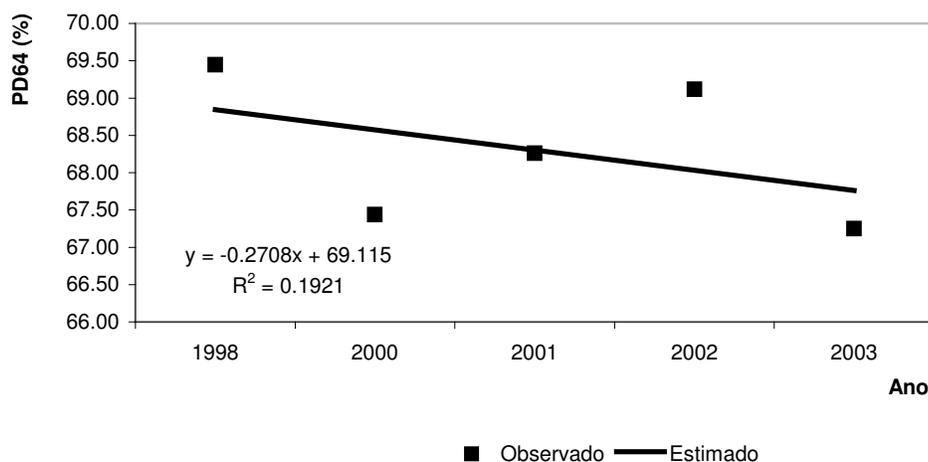


Figura 5.20 – Tendência fenotípica para produção de ovos até a 64ª semana de idade

A tendência genética para a característica peso aos 42 dias de idade foi significativa ( $p < 0,05$ ) e crescente (+2,07g/ano). Isso indica que, ao longo das gerações, o peso aos 42 dias de idade, das aves da linhagem estudada, tende a aumentar. A tendência fenotípica para peso aos 42 dias de idade foi significativa ( $p < 0,05$ ) e apresentou o mesmo sentido que a tendência genética (+38,76g/ano) significando que o

progresso genético foi acompanhado pelo fenotípico e, portanto, em paralelo ao melhoramento genético, o ambiente foi favorável à expressão da característica.

Para a característica idade à maturidade sexual a tendência genética foi crescente (+0,06dia/ano), porém não significativa ( $p>0,05$ ). Através da observação gráfica, parece que houve um equilíbrio ao longo do trabalho de seleção, o que pode representar a estabilidade da idade à maturidade sexual das aves da linhagem estudada. A tendência fenotípica para a idade à maturidade sexual foi significativa ( $p<0,05$ ) e decrescente (-13,43dias/ano).

As tendências genéticas para as características de produção de ovos foram significativas ( $p<0,05$ ) e crescentes (+0,18% e +0,27%, para PD35 e PD64, respectivamente), indicando que, ao longo do trabalho de seleção, a produção de ovos das aves da linhagem estudada tende a aumentar, enquanto que as tendências fenotípicas não foram significativas ( $p>0,05$ ).

CHUNG et al. (1999) descrevem uma tendência genética para idade à maturidade sexual de -2,59 dias, de 11,9 ovos para produção de ovos até a 43<sup>a</sup> semana de idade e de 5,70 ovos para produção de ovos da 44<sup>a</sup> a 57<sup>a</sup> semana de idade. ZEIBA et al. (2003) também relatam tendência genética para idade à maturidade sexual de -0,62 dia, para produção de ovos nas primeiras 15 semanas de 0,69 ovo e para produção de ovos durante as 44 semanas de idade de 2,64, evidenciando os progressos alcançados ao longo do trabalho de seleção para essas características.

### **5.2.6. ANÁLISE DO POTENCIAL SELETIVO DAS CARACTERÍSTICAS**

Para analisar o potencial seletivo de uma característica, os ganhos genéticos esperados para seleção familiar (irmãs inteiras) foram preditos.

O valor utilizado para a intensidade de seleção foi de 1,5158; o que corresponde a uma proporção de 16% de fêmeas selecionadas (CARDELLINO e ROVIRA, 1987). Para o desvio padrão genético aditivo e a herdabilidade foram utilizados os valores fornecidos pelo programa DFREML.

As estimativas do ganho genético obtido são apresentadas na Tabela 5.13.

Tabela 5.13 – Estimativas de ganho genético por geração, em valor absoluto e em relação à média, para as características em estudo, considerando diferentes números (n) de irmãs por família..

Característica	Ganho genético esperado por geração			Ganho genético esperado por geração, em relação à média da característica (%)		
	n					
	4	6	8	4	6	8
P42 (g)	46,13	51,03	53,91	2,56	2,84	3,00
IMS (dias)	3,01	3,43	3,12	1,50	1,71	1,56
PD35 (%)	3,42	3,88	4,18	4,81	5,46	5,88
PD64 (%)	3,40	3,86	4,16	4,98	5,65	6,09

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

A característica de maior potencial seletivo é produção de ovos acumulada às 64 semanas, apresentando um ganho genético esperado variando de 4,98% a 6,09% em relação à sua média, por geração de seleção. Contudo, não é tecnicamente nem economicamente viável a seleção de fêmeas através dessa característica, dado que se estará selecionando aves em final de ciclo produtivo. Por outro lado, pode ser desejável, obter fêmeas com elevada produção de ovos também nessa idade. Assim, seria mais conveniente buscar uma resposta correlacionada eficiente em produção de ovos através da seleção de outras características.

### 5.2.7. ANÁLISE DAS RESPOSTAS CORRELACIONADAS DAS CARACTERÍSTICAS RECOMENDADAS PARA SELEÇÃO

A característica peso aos 42 dias de idade foi utilizada como critério de seleção para simular as respostas correlacionadas nas características de produção. A intensidade de seleção considerada foi de 1,5158 que corresponde à seleção de 16% das fêmeas.

A resposta correlacionada de peso aos 42 dias sobre idade à maturidade sexual, produção de ovos acumulada as 35 e 64 semanas de idade foi, respectivamente, de 1,10 dias, -1,14% e -1,39% por geração. Considerando 1,5 gerações de aves por ano, haverá uma elevação na idade à maturidade sexual de 1,65 dia ao ano e decréscimo na produção de ovos de 1,71% a 2,09% ao ano, devido aos valores moderadamente altos das correlações genéticas entre as características. Entretanto, em se tratando de uma

linhagem de corte, não é aconselhável deixar de selecionar por elevado peso corporal. Assim, cabe a cada empresa avaliar o quanto de cada característica pode perder e formular seus próprios índices de seleção, atribuindo pesos proporcionais às características de interesse.

### 5.2.8. ÍNDICES DE SELEÇÃO

Com o uso de índices de seleção, espera-se o melhoramento simultâneo de várias características. Essa seleção se realiza ordenando as aves da população segundo seus índices e elegendo os de maior pontuação de acordo com a porcentagem que se deseja selecionar (CARDELLINO e ROVIRA, 1987).

Combinando as características peso corporal aos 42 dias de idade, idade à maturidade sexual e produção de ovos acumulada até as 35<sup>a</sup> e 64<sup>a</sup> semanas de idade, cinco diferentes índices foram construídos:

$$I_1 = 0,005(P42) - 0,018(IMS), \text{ com } r_{HI} = 0,78;$$

$$I_2 = 0,003(P42) + 0,017(PD35), \text{ com } r_{HI} = 0,50;$$

$$I_3 = 0,005(P42) + 0,017(PD64), \text{ com } r_{HI} = 0,51;$$

$$I_4 = 0,003(P42) - 0,013(IMS) + 0,027(PD35), \text{ com } r_{HI} = 0,52;$$

$$I_5 = 0,003(P42) - 0,018(IMS) + 0,019(PD35), \text{ com } r_{HI} = 0,50.$$

Na Tabela 5.14 encontram-se os valores da importância relativa das características incluídas em cada índice de seleção.

Tabela 5.14 - Redução no  $r_{HI}$  original pela retirada de cada variável dos respectivos índices

Variável	Redução nos $r_{HI}$				
	$I_1$	$I_2$	$I_3$	$I_4$	$I_5$
P42	0,58	0,26	0,29	0,19	0,32
IMS	0,34	-	-	0,01	0,03
PD35	-	0,07	-	0,10	-
PD64	-	-	0,07	-	0,05

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

A característica P42 é a de maior importância em todos os índices, contudo, em se tratando de linhagem fêmea é de interesse obter a melhor combinação entre P42 e as características de produção de ovos.

O índice  $I_1$  é o que apresenta maior correlação entre o índice e o agregado genotípico ( $r_{HI} = 0,78$ ). A resposta à seleção através desse índice, nas características P42 e IMS, é 51,99g e -0,21 dia, respectivamente, o que corresponde a um ganho genético esperado por geração, em relação à média da característica de 2,9% e -0,1%, respectivamente. A elevação do peso corporal aos 42 dias e a redução da idade à maturidade sexual é desejado em uma linhagem fêmea de corte, entretanto, não se pode perder em quantidade de ovos produzidos, o que também é desejável na linhagem fêmea. A seleção através de  $I_1$  fornece uma resposta correlacionada em produção de ovos de 0,39% e -1,43%, respectivamente para produção acumulada até a 35<sup>a</sup> e 64<sup>a</sup> semanas de idade, o que corresponde a um ganho genético esperado por geração em relação à média da característica de 0,55% e -2,09%.

O índice  $I_4$ , apresenta uma correlação entre o índice e o agregado genotípico mediana ( $r_{HI}=0,52$ ). As respostas à seleção são, 29,30g, -1,35dia e 2,35%, respectivamente para P42, IMS e PD35, o que corresponde a um ganho genético esperado por geração em relação à média da característica de 1,6%, -0,67% e 3,31%, respectivamente. A resposta correlacionada para produção acumulada até a 64<sup>a</sup> semanas de idade é de 3,96% ou 5,80%, com relação a média da característica. Portanto, a seleção através do  $I_4$  fornece uma pequena redução no ganho genético em peso corporal por geração, entretanto, fornece melhores respostas nas características de produção de ovos. De acordo com o descrito acima, o índice  $I_4$ , teoricamente, fornece melhores resultados.

### **5.2.9. COMPARAÇÃO ENTRE OS ALGORITMOS DFREML E AIREML, QUANTO AOS RECURSOS COMPUTACIONAIS.**

A Tabela 5.15, resume o tempo computacional número de iterações realizadas e o número de verossimilhanças calculadas, em cada algoritmo, para um critério de convergência de  $10^{-8}$ , através do programa DFREML.

Tabela 5.15 – Tamanho da amostra (n), tempo de processamento (Tp), número de verossimilhanças calculadas (Nv) e número de iterações realizadas (Ni), pelos algoritmos DF e AI.

	n	Tp (segundos)		Nv		Ni	
		DF	AI	DF	AI	DF	AI
P42x IMS	1961	34	34	33	4	2	2
P42 x PD35	1901	65	28	46	4	3	2
P42 x PD64	1927	28	21	34	6	2	3
IMS x PD35	1907	26	15	36	4	2	2
IMS x PD64	1930	40	21	56	4	3	2
PD35 x PD64	1892	25	18	54	6	3	3

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; IMS: idade de maturidade sexual; PD35: Produção de ovos às 35 semanas de idade; PD64: Produção de ovos às 64 semanas de idade.

As análises foram realizadas em um computador Pentium IV, 2,4GHz e 256MbRAM. Os valores iniciais fornecidos para dar início ao processo de convergência foram os mesmos nos dois algoritmos. A velocidade de convergência do algoritmo AIREML foi muito superior à do DFREML e forneceu estimativas com diferenças irrelevantes. Esses resultados devem ser vistos com indicativo do desempenho dos dois algoritmos, pois o “ranking” de velocidades observadas pode variar entre computadores. Além disso, esse “ranking” de velocidades depende dos valores iniciais, da escolha inicial SIMPLEX ou POWELL no DFREML.

### 5.3. LINHAGEM MACHO (TT)

#### 5.3.1. ANÁLISE DESCRITIVA

A análise descritiva das características analisadas nessa linhagem é apresentada na Tabela 5.16 e sua representação gráfica na Figura 5.21.

Tabela 5.16 - Número total de aves (n), Média ( $\bar{X}$ ); Desvio-Padrão (S); Coeficiente de Variação (CV); Menor valor observado (Min) e Maior valor observado (Max).

Característica	n	$\bar{X}$	S	CV %	Min	Max
P42 (Kg)	3846	2,57	0,23	9,05	1,80	3,30
CPeito (cm)	3866	13,95	0,63	4,52	12,00	15,70
Larg1 (cm)	3866	8,56	0,76	8,88	6,20	10,70
Larg2 (cm)	3872	5,28	0,69	12,88	3,20	7,40

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; Larg2: largura menor do peito

O peso corporal médio de 2,57 com desvio padrão de 0,23(Kg) está semelhante ao relatado por SCHMIDT et al. (2003) de 2,27Kg e superior ao relatado por SCHMIDT et al. (1992) de 1,41Kg. Os coeficientes de variação foram moderados, variando de 4,48% a 13,00%, indicando a existência de uma considerável variabilidade fenotípica nas características. A presença dessa variabilidade é o primeiro passo para que se tenha sucesso em programas de melhoramento genético, pois, sem variabilidade não há o que melhorar. Entretanto, é necessário que se conheça o quanto da variabilidade fenotípica é devida às variações genética e ambiental, tornando-se imprescindível o conhecimento dos parâmetros genéticos das características.

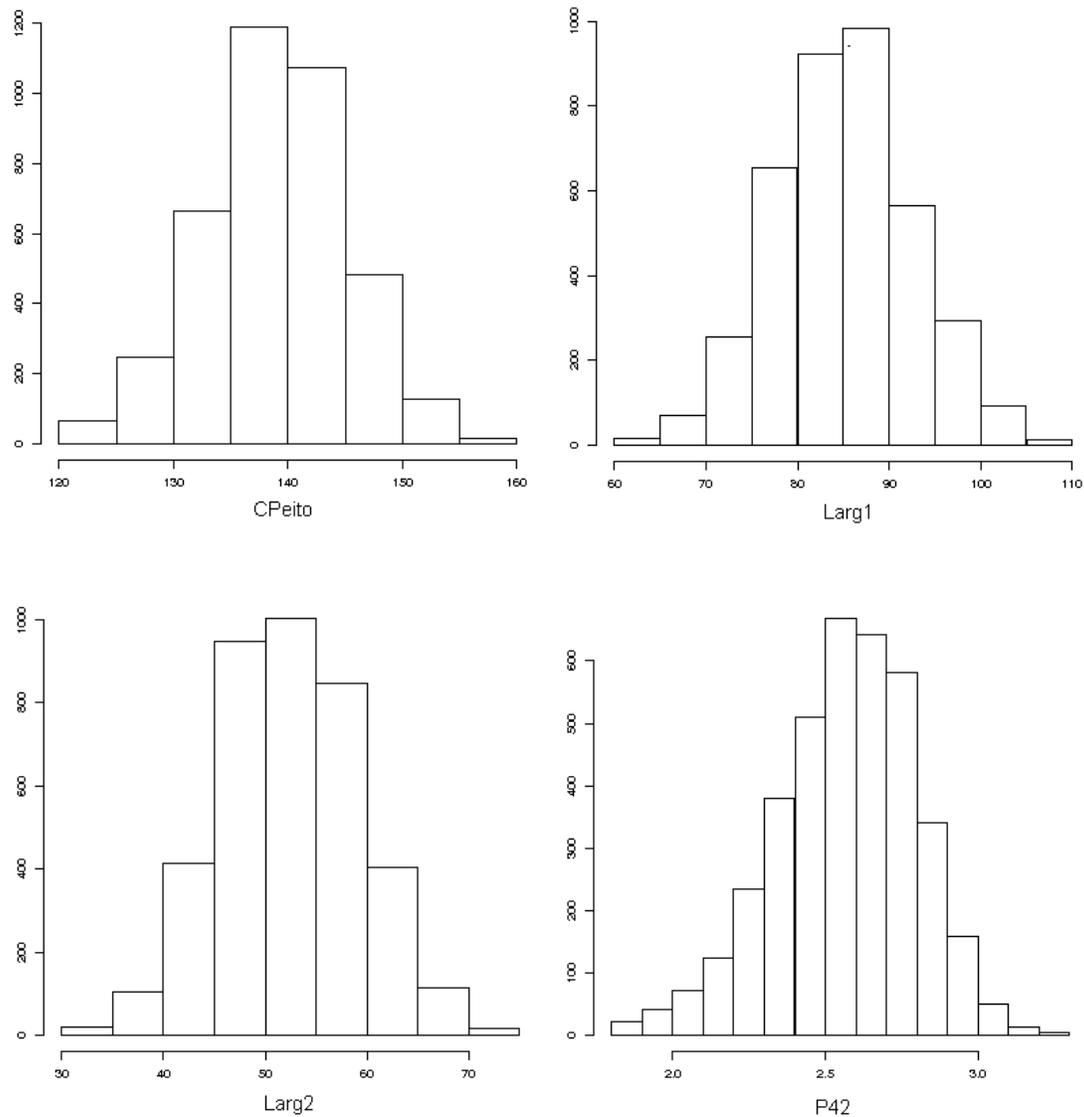


Figura 5.21 – Histogramas das características P42(Kg), CPeito(cm), Larg1 (cm) e Larg2 (cm)

### 5.3.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA

Os componentes de variância e covariância obtidos das análises uni-característica e bi-características, realizadas através do programa DFREML são apresentados nas Tabelas 5.17, 5.18, 5.19.

Tabela 5.17 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias genética das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P42	CPeito	Larg 1	Larg 2
P42	0,02 <sup>1</sup> (0,02) <sup>2</sup>			
CPeito	0,04 (0,04)	0,19 (0,19)		
Larg 1	0,03 (0,03)	0,07 (0,07)	0,14 (0,14)	
Larg 2	0,02 (0,02)	0,04 (0,04)	0,10 (0,10)	0,09 (0,09)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; Larg2: largura menor do peito.

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI.

Tabela 5.18 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias ambiental das características, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e AI.

	P42	CPeito	Larg 1	Larg 2
P42	0,03 <sup>1</sup> (0,29) <sup>2</sup>			
CPeito	0,04 (0,04)	0,17 (0,17)		
Larg 1	0,04 (0,04)	0,13 (0,13)	0,29 (0,29)	
Larg 2	0,03 (0,03)	0,07 (0,07)	0,15 (0,15)	0,22 (0,22)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; Larg2: largura menor do peito

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI.

Tabela 5.19 – Estimativa de variâncias (na diagonal) e covariâncias fenotípica das características, resultantes das análises no programa DFREML através dos algoritmos DF e AI.

	P42	CPeito	Larg 1	Larg 2
P42	0,05 <sup>1</sup> (0,05) <sup>2</sup>			
CPeito	0,08 (0,08)	0,36 (0,36)		
Larg 1	0,08 (0,08)	0,20 (0,20)	0,43 (0,43)	
Larg 2	0,05 (0,05)	0,11 (0,11)	0,25 (0,25)	0,31 (0,31)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; Larg2: largura menor do peito

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI.

Os componentes de variância e covariância, genética, fenotípica e ambiental, estimados usando os algoritmos DF e AI, através do programa DFREML, na mesma estrutura de população, não apresentaram diferenças.

### 5.3.3. HERDABILIDADES

As herdabilidades estimadas para as características, através do programa DFREML, são apresentadas na Figura 5.22. Não houve diferença, nas estimativas obtidas, entre os algoritmos DF e AI.

As estimativas de herdabilidades encontradas foram de moderadas a altas, o que significa que diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis, em grande parte, pela variação fenotípica da característica. Isso nos fornece confiança para prever valores genéticos através dos valores fenotípicos, pois o componente genético é altamente relevante dentro da expressão total da variação.

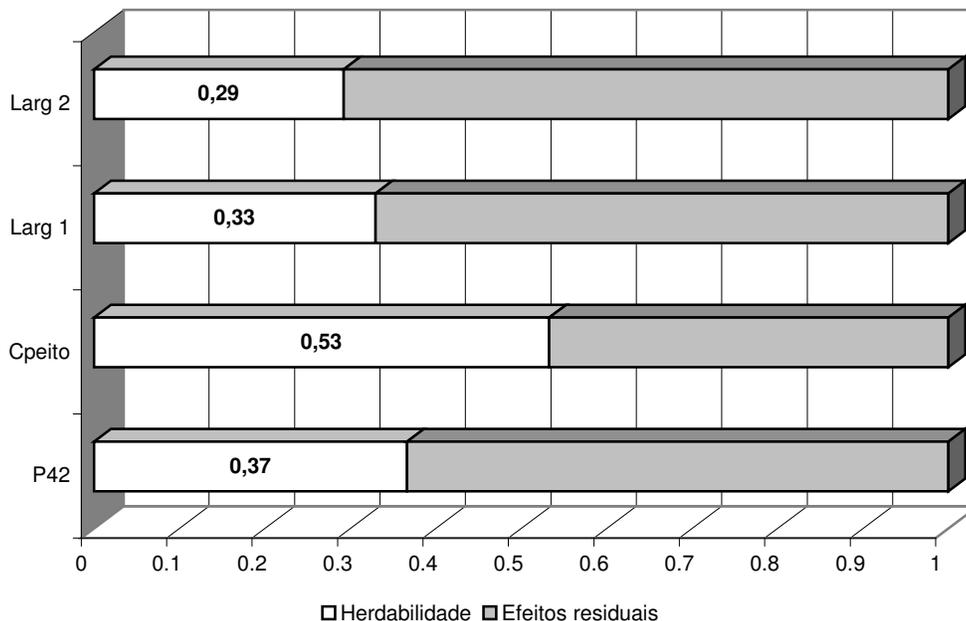


Figura 5.22 – Proporção da variância total devida aos efeitos genéticos aditivos diretos (herdabilidade) e aos efeitos residuais

A herdabilidade para peso aos 42 dias de idade, 0,37 com erro padrão de 0,06, está dentro da variação encontrada por LEDUR et al. (1992 e 1994), 0,27 a 0,56 e 0,26 a 0,44, e por SINGH E TREHAN (1994), 0,30 a 0,52. Superior ao intervalo relatado por SCHMIDT et al. (1992), 0,30 a 0,32, aos valores encontrados por ARGENTÃO et al. (2002), 0,33 e por KRUMAR et al. (2002), 0,23. Inferior ao valor relatado por RANCE et al. (2002), 0,52 e ao intervalo descrito por MALLIK et al. (2003), 0,44 a 0,53. É um valor relativamente alto, o que significa que P42 pode fornecer uma resposta eficiente à seleção fenotípica, pois grande parte da variação fenotípica é devido à variação genética entre indivíduos. As estimativas de herdabilidades para larguras maior e menor de peito foram, respectivamente, 0,33 com erro padrão de 0,06 e 0,29 com erro padrão de 0,05, indicando que essas medidas de largura de peito podem responder com eficiência à seleção, assim como, a característica comprimento de peito, que apresentou uma estimativa de herdabilidade de 0,53 com erro padrão de 0,06. Esses resultados são interessantes, pois indicam que ganhos genéticos significativos em quantidade de carne de peito podem ser alcançados, o que é de interesse comercial em se tratando de linhagem de corte. Nenhum resultado dessas medidas foi encontrado na literatura.

### 5.3.4. CORRELAÇÕES GENÉTICA E FENOTÍPICA

As estimativas de correlações fenotípica, genética e ambiental entre as características estudadas, são apresentadas na Tabela 5.20.

Tabela 5.20 – Estimativas de correlações fenotípica ( $r_P$ ), genética ( $r_A$ ) e ambiental ( $r_E$ ) entre as características analisadas, resultantes das análises no programa DFREML, através dos algoritmos DF e o AI.

	$r_P$	$r_A$	$r_E$
P42 x CPeito	0,62 <sup>1</sup> (0,62) <sup>2</sup>	0,68 (0,68)	0,57 (0,57)
P42 x Larg 1	0,55 (0,55)	0,65 (0,65)	0,49 (0,49)
P42x Larg 2	0,46 (0,46)	0,48 (0,48)	0,45 (0,45)
Cpeito x Larg 1	0,52 (0,52)	0,43 (0,43)	0,59 (0,59)
Cpeito x Larg 2	0,34 (0,34)	0,33 (0,33)	0,37 (0,37)
Larg 1 x Larg 2	0,68 (0,68)	0,84 (0,84)	0,60 (0,60)

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; Larg2: largura menor do peito

1 : valores resultantes do algoritmo DF e 2 : valores resultantes do algoritmo AI

De acordo com CARDELLINO e ROVIRA (1987), o grau de correlação genética entre duas características é importante para controlar diretamente a mudança genética da característica quando se seleciona através de outra. Como as herdabilidades das características avaliadas são moderadas (0,29 a 0,53), as correlações genética e ambiental contribuem de maneira semelhante à correlação fenotípica.

O fato das correlações genéticas estimadas serem de moderadas a altas (0,33 a 0,84), indica que bons resultados podem ser obtidos através de respostas correlacionadas.

As correlações fenotípicas entre peso aos 42 dias de idade e comprimento de peito e larguras maior e menor, são moderadas (0,62, 0,55 e 0,46, respectivamente), sendo a contribuição das correlações genéticas levemente superior a das correlações

ambientais. Isso significa que aves com alto peso aos 42 dias de idade podem apresentar características de peito elevadas, tanto por causas genéticas como ambientais.

As correlações fenotípicas entre comprimento de peito e larguras maior e menor, são moderadas (0,52 e 0,34, respectivamente), sendo a contribuição das correlações ambientais levemente superior a das correlações genéticas.

As correlações genéticas entre peso aos 42 dias de idade e comprimento de peito e larguras maior e menor (0,68, 0,65 e 0,48, respectivamente), indicam que a seleção por peso corporal aos 42 dias de idade influencia positivamente as características de peito, que são utilizadas para inferir a área de peito da ave (SCHMIDT et al., 2006). Desse modo, aves com peso corporal elevado aos 42 dias de idade tendem a apresentar maior área de peito, o que é de interesse em linhagem de corte.

Havendo uma correlação direta entre as características, decorrente dos valores obtidos pelas correlações genéticas entre comprimento de peito e larguras maior e menor e, entre largura maior e menor, serem medianas a alta e positivas (0,43, 0,33 e 0,84, respectivamente), conclui-se que ganhos genéticos podem ser alcançados por meio de seleção indireta.

### 5.3.5. TENDÊNCIAS GENÉTICA E FENOTÍPICA

Os gráficos das tendências genéticas e fenotípicas das características analisadas são apresentados nas Figuras 5.23 a 5.30.

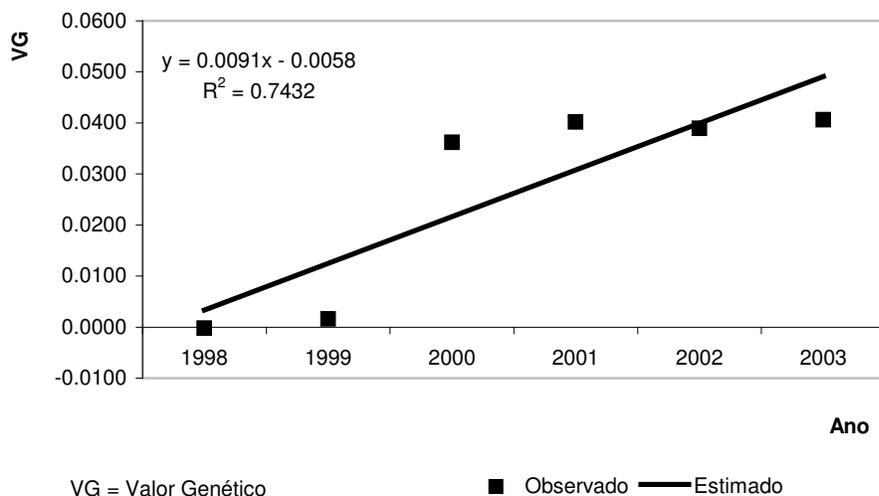


Figura 5.23 – Tendência genética para peso aos 42 dias de idade (Kg)

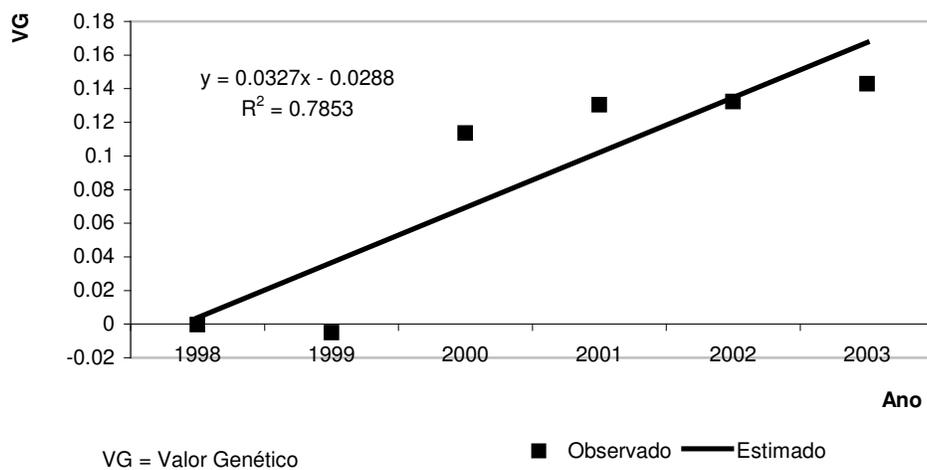


Figura 5.24 – Tendência genética para comprimento de peito (cm)

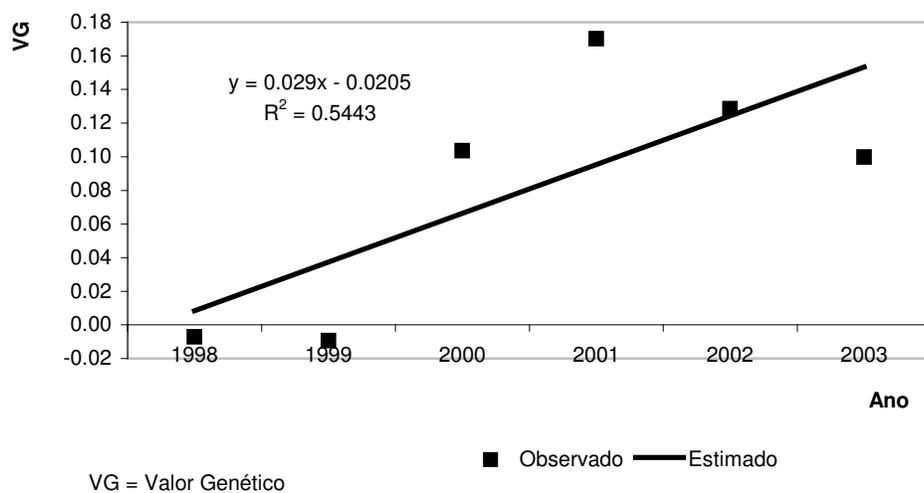


Figura 5.25 – Tendência genética para largura maior de peito (cm)

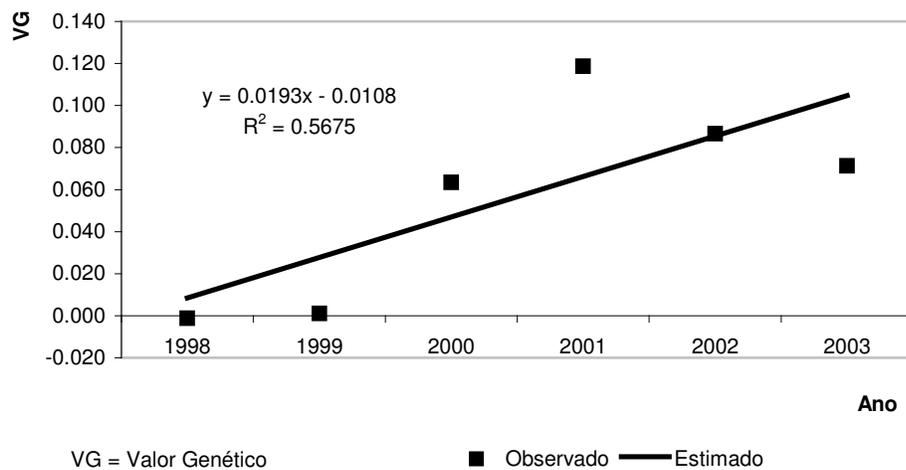


Figura 5.26 – Tendência genética para largura menor de peito (cm)

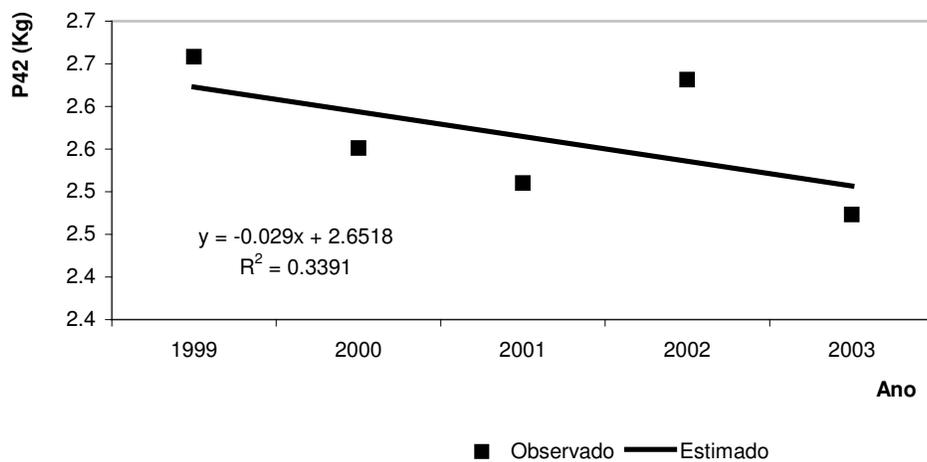


Figura 5.27 – Tendência fenotípica para peso aos 42 dias de idade

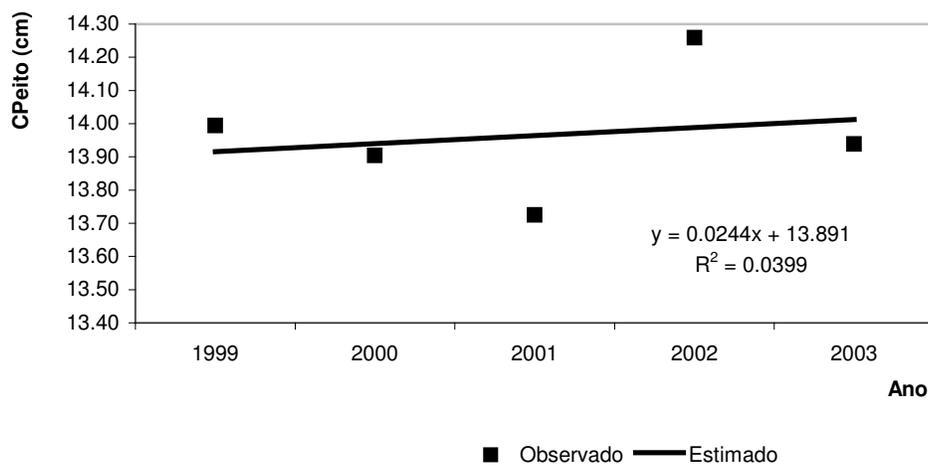


Figura 5.28 – Tendência fenotípica para comprimento de peito

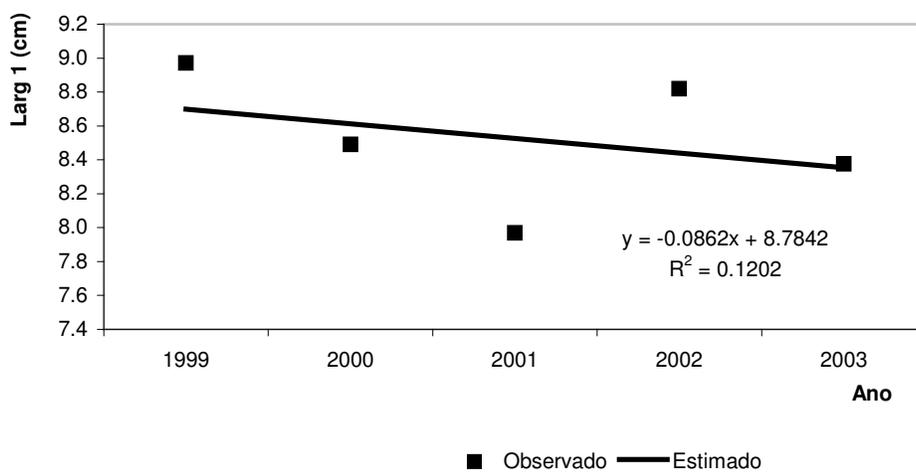


Figura 5.29 – Tendência fenotípica para largura maior de peito

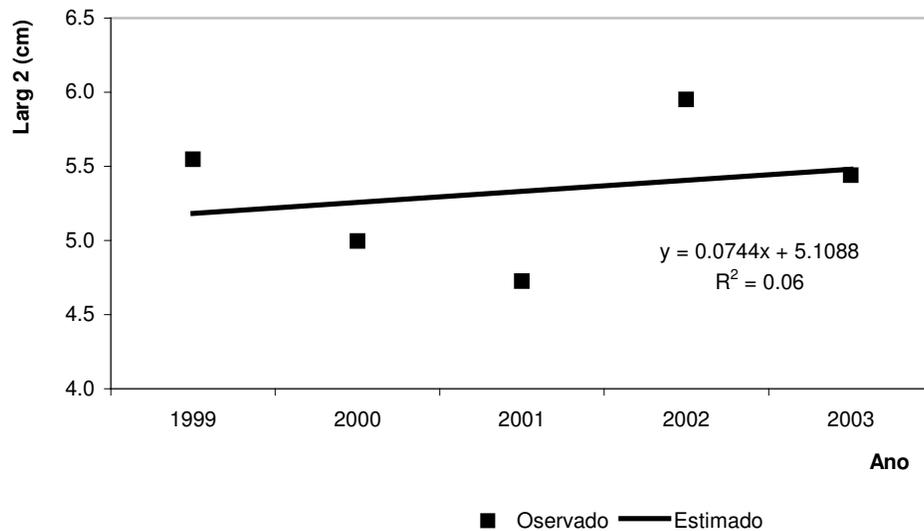


Figura 5.30 – Tendência fenotípica para largura menor de peito

A tendência genética para a característica peso aos 42 dias de idade foi significativa ( $p < 0,05$ ) e crescente ( $+0,009\text{Kg/ano}$ ), indicando que, ao longo das gerações, o peso aos 42 dias de idade das aves da linhagem estudada tende a aumentar. A tendência fenotípica para peso aos 42 dias de idade, apresentou sentido oposto ao da tendência genética, mas não foi significativa ( $p > 0,05$ ).

Para a característica comprimento de peito, a tendência genética foi significativa ( $p < 0,05$ ) e crescente ( $+0,033\text{cm/ano}$ ), indicando que nessa linhagem, ao longo do trabalho de seleção, o comprimento de peito das aves tende a aumentar. A tendência fenotípica se apresentou de forma aproximadamente constante ao longo dos anos, não sendo significativa ( $p > 0,05$ ).

As tendências genéticas e fenotípicas para larguras maior e menor de peito, não foram significativas ( $p > 0,05$ ).

### 5.3.6. ANÁLISE DO POTENCIAL SELETIVO DAS CARACTERÍSTICAS

Para analisar o potencial seletivo de uma característica, os ganhos genéticos esperados para seleção fenotípica individual foram preditos.

O valor utilizado para a intensidade de seleção foi de 2,4209, o que corresponde a uma proporção de 2% dos machos selecionados (CARDELLINO e ROVIRA, 1987). Para o desvio padrão genético aditivo e a herdabilidade foram utilizados os valores fornecidos

pelo programa DFREML. As estimativas de ganho genético, calculadas são apresentadas na Tabela 5. 21.

Tabela 5.21 – Estimativas de ganho genético por geração, em valor absoluto e em relação à média, para as características em estudo.

Característica	Ganho genético esperado por geração	Ganho genético esperado por geração, em relação à média da característica (%)
P42	0,19 Kg	7,40
CPeito	0,78 cm	5,59
Larg 1	0,51 cm	5,96
Larg 2	0,39 cm	7,37

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; Larg2: largura menor do peito

As características de maior potencial seletivo são largura menor de peito e peso aos 42 dias de idade, apresentando um ganho genético esperado de 7,37% e 7,40%, respectivamente, em relação à média, por geração de seleção. Isso significa que uma rápida resposta pode ser obtida através da seleção por peso aos 42 dias de idade. Devido a altas correlações genéticas peso aos 42 dias de idade e as características de peito, aves com elevado peso aos 42 dias de idade tenderão a apresentar maior área de peito, o que é desejável.

### 5.3.7. ANÁLISE DAS RESPOSTAS CORRELACIONADAS DAS CARACTERÍSTICAS RECOMENDADAS PARA SELEÇÃO

O cálculo da resposta correlacionada é utilizado para o estudo de como a seleção para uma característica pode influenciar a outra geneticamente correlacionada.

A característica peso aos 42 dias de idade foi utilizada como critério de seleção para simular as respostas correlacionadas nas características de peito. A intensidade de seleção considerada foi de 2,4209, que corresponde à seleção de 2% dos machos.

A resposta correlacionada de peso aos 42 dias sobre comprimento, largura maior e largura menor de peito foi, respectivamente, de 0,44, 0,36 e 0,21 cm/geração. Considerando 1,5 gerações de aves por ano, haverá um incremento de 0,66, 0,54 e 0,32cm ao ano em comprimento, largura maior e largura menor de peito, respectivamente, o que é desejável em linhagem de frango de corte. Entretanto, a

seleção a favor de elevado peso corporal não deve ser feita de maneira indiscriminada, uma vez que é de amplo conhecimento na atividade avícola que aves muito pesadas tendem a reduzir suas características de reprodução. A deposição de gordura abdominal é outra característica que sofre influência indireta da seleção por elevado peso corporal. Segundo GAYA (2003) e RANCE et al. (2002), os critérios de seleção empregados vêm aumentando a deposição de gordura abdominal nas aves e se nenhuma medida for tomada, os prejuízos resultantes poderão se agravar ao longo do tempo.

Cabe a cada empresa avaliar o quanto de cada característica pode perder e formular seus próprios índices de seleção, atribuindo pesos proporcionais às características de interesse.

### 5.3.8. ÍNDICE DE SELEÇÃO

Com o uso de índices de seleção, se espera o melhoramento simultâneo de várias características. Essa seleção se realiza ordenando as aves da população segundo seus índices e elegendo os de maior pontuação de acordo com a porcentagem que se deseja selecionar (CARDELLINO e ROVIRA, 1987).

Combinando as características peso corporal aos 42 dias de idade, comprimento e larguras maior e menor de peito, cinco diferentes índices foram construídos:

$$I_1 = 1,67(P42) + 1,02(CPeito), \text{ com } r_{IH} = 0,71;$$

$$I_2 = 2,67(P42) + 0,30(Larg1), \text{ com } r_{IH} = 0,68;$$

$$I_3 = 2,25(P42) + 0,45(Larg2), \text{ com } r_{IH} = 0,65;$$

$$I_4 = 1,50(P42) + 1,26(CPeito) + 0,16(Larg1), \text{ com } r_{IH} = 0,67;$$

$$I_5 = 1,67(P42) + 1,08(CPeito) + 0,38(Larg2), \text{ com } r_{IH} = 0,66.$$

Na Tabelas 5.22 encontram-se os valores da importância relativa das características incluídas em cada índice de seleção.

Tabela 5.22 - Redução no  $r_{HI}$  original pela retirada de cada variável dos respectivos índices

Característica	Redução nos $r_{HI}$				
	$I_1$	$I_2$	$I_3$	$I_4$	$I_5$
P42	0,04	0,19	0,21	0,04	0,01
CPeito	0,14	-	-	0,07	0,06
Larg 1	-	0,10	-	0,00	-
Larg 2	-	-	0,08	-	0,00

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; Larg2: largura menor do peito

A característica comprimento de peito é a de maior importância seguida da característica peso aos 42 dias de idade. Em se tratando de linhagem macho de corte é de interesse obter a melhor combinação entre P42 e as características de peito, uma vez que, como já foi dito, as características de peito são utilizadas para estimar a área de peito e é de interesse em uma conformidade de carcaça e não apenas elevado peso.

O índice  $I_1$  é o que apresenta maior correlação entre o índice e o agregado genotípico ( $r_{HI} = 0,71$ ). A resposta à seleção através desse índice, nas características P42 e CPeito, é 0,19Kg e 0,71cm, respectivamente, o que corresponde a um ganho genético esperado por geração, em relação à média da característica de 7,39% e 5,09%, respectivamente. A elevação do peso corporal aos 42 dias e do comprimento de peito é desejado em uma linhagem macho de corte, entretanto, não se pode perder em largura de peito. A seleção através de  $I_1$  fornece uma resposta correlacionada em larguras maior e menor de peito de 0,93cm e 0,55cm, respectivamente, que corresponde a um ganho genético esperado por geração em relação à média da característica de 10,86% e 10,42%.

A seleção através de  $I_2$  fornece uma resposta nas características P42 e Larg1 de 0,20Kg e 0,40cm, respectivamente, que corresponde a um ganho genético esperado por geração, em relação à média da característica de 7,78% e 4,67%, respectivamente. A resposta correlacionada em CPeito e Larg2 é de 0,90cm e 0,70cm, respectivamente, que indica um ganho genético esperado por geração em relação à média da característica de 6,45% e 13,26%. Portanto, apesar do índice  $I_2$  apresentar uma correlação moderada entre o índice e o agregado genotípico ( $r_{HI} = 0,68$ ), a seleção através dele fornece uma redução considerável na resposta da característica Larg1, podendo interferir na área de peito.

Contudo, se for de interesse da empresa trabalhar com três características, pode optar por trabalhar com o índice  $I_4$ .

O índice  $I_4$  apresenta uma correlação entre o índice e o agregado genotípico mediana ( $r_{HI}=0,67$ ). As respostas à seleção são, 0,21Kg, 0,71cm e 0,37cm, respectivamente para P42, CPeito e Larg1, o que corresponde a um ganho genético esperado por geração em relação à média da característica de 8,17%, 5,09% e 4,32%, respectivamente. A resposta correlacionada para Larg2 é de 0,57cm ou 10,80%, com relação a média da característica. A seleção através do  $I_4$  fornece um incremento no ganho genético em peso corporal por geração, mas apresenta considerável redução no ganho genético de largura maior de peito, o que pode prejudicar a área de peito.

### 5.3.9. COMPARAÇÃO ENTRE OS ALGORITMOS DFREML E AIREML, QUANTO AOS RECURSOS COMPUTACIONAIS.

A Tabela 5.23, resume o tempo computacional, número de iterações realizadas e o número de verossimilhanças calculadas, em cada algoritmo, para um critério de convergência de  $10^{-8}$ , através do programa DFREML.

Tabela 5.23 – Tamanho da amostra (n), tempo de processamento (Tp), número de verossimilhanças calculadas (Nv) e número de iterações realizadas (Ni), pelos algoritmos DF e AI.

	n	Tp (segundos)		Nv		Ni	
		DF*	AI	DF*	AI	DF*	AI
P42 x Cpeito	3839	443	36	769	20	16	10
P42 x Larg 1	3828	289	52	1769	20	15	10
P42 x Larg 2	3832	325	40	691	20	<sup>14</sup>	10
Cpeito x Larg 1	3847	158	37	441	18	9	9
Cpeito x Larg 2	3850	148	32	435	16	9	8
Larg 1 x Larg 2	3852	190	37	775	20	12	10

P42: peso vivo aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito; Larg1: largura maior do peito; larg2: largura menor do peito

\* ; indica o somatório de várias rodadas até a convergência.

As análises foram realizadas em um computador Pentium IV, 2,4GHz e 256MbRAM. Os valores iniciais fornecidos para dar início ao processo de convergência foram os mesmos nos dois algoritmos. É importante lembrar que, nesse conjunto de

análise, não havia informação materna, apenas paterna, desse modo, a coluna referente à informação de mãe foi substituída por uma coluna de zeros. Assim, a matriz de parentesco apresentou uma quantidade significativa de zeros, o que não inviabiliza a estimação dos componentes de variância e covariância e parâmetros genéticos através de modelos mistos. Apesar do algoritmo DF necessitar de varias rodadas até a convergência e conseqüentemente um tempo de processamento mais elevado, os valores estimados não diferiram. Esses resultados devem ser vistos com indicativo do desempenho dos dois algoritmos, pois o “ranking” de velocidades observadas pode variar entre computadores, além de depender dos valores iniciais e da escolha inicial SIMPLEX ou POWELL no DFREML.

## 6. CONCLUSÕES

Na linhagem fêmea, a herdabilidade para peso corporal ao 28 foi baixa indicando uma resposta à seleção fenotípica direta muito demorada. As correlações genéticas entre peso corporal aos 28 dias e as características de produção de ovos, foram moderadas, e a resposta correlacionada da seleção por peso aos 28 dias sobre essas características foi baixa.

O peso corporal aos 42 dias de idade, apresentou herdabilidade moderadamente alta e suas correlações genéticas com as características de produção de ovos foram medianas, fornecendo uma boa resposta correlacionada à seleção. Devido às correlações negativas entre peso aos 42 dias de idade e produção de ovos acumulada às 35 e 64 semanas e, da correlação positiva com idade à maturidade sexual, e por serem características desejáveis em uma linhagem fêmea de corte, o uso de índice de seleção, combinando as características P42, IMS, PD35 e PD64, pode trazer melhores benefícios.

Em todos os índices de seleção estudados, a característica P42 foi a de maior importância, contudo, em se tratando de linhagem fêmea a melhor combinação entre P42 e as características de produção de ovos é o objetivo. O índice  $I = 0,003(P42) - 0,013(IMS) + 0,027(PD35)$ , foi o que, teoricamente, forneceu melhores resultados.

O estudo das tendências genéticas e fenotípicas das características, mostrou que o progresso genético está sendo acompanhado do progresso fenotípico, nas aves estudadas.

Na linhagem macho, as herdabilidades de peso corporal aos 42 dias e características de peito foram altas, indicando que ganhos genéticos podem ser alcançados através da seleção fenotípica direta. As características comprimento e larguras de peito são importantes para dimensionar a área de peito do frango. Assim,

sendo as correlações genéticas entre peso corporal aos 42 dias de idade e as características de peito positivas e elevadas, a resposta correlacionada da seleção por peso aos 42 dias sobre essas características poderá ser eficiente. Entretanto, uma combinação entre elas, através da formulação de índices de seleção, combinando as características P42, CPeito, Larg1 e Larg2, talvez possa fornecer resultados mais objetivos. O índice  $I = 1,67(P42) + 1,02(CPeito)$  foi o que, teoricamente, forneceu melhores resultados.

O estudo da tendência genética das características indicou que um progresso genético significativo está sendo obtido ao longo do trabalho de seleção, nas aves estudadas.

As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos através dos algoritmos DFREML e AIREML não apresentam diferenças relevantes. O tempo final de convergência do algoritmo AIREML foi muito superior ao DFREML, principalmente nas análises bi-características, pois apesar de utilizar maior tempo por iteração, o AIREML converge em menos de 10 iterações.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARGENTÃO, C.; MICHELAN FILHO, T.; MARQUES, J. B. et al. Genetic and phenotypic parameters of growth and carcass traits of male line of broilers raised in tropical conditions. In. CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. Proceedings ...Castanet – Tolosan. Organising committee WCGALP, 2002.v. 30. p. 333-336.

AZEVEDO P. C., SILVA, M; A., FRIDRICH, A. B. et al. Comparação de metodologias para estimação de parâmetros genéticos em população de aves submetida a seleção. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 54, p. 518-524, 2002.

BEAUMONT, C. Comparison of Henderson's method I and restricted maximum likelihood estimation of genetic parameters of reproductive traits. Poultry Science, v 70, p. 1462-1468, 1991.

BHARAT, B.; SINGH, R. V. Genetic studies on growth, feed conversion, reproduction and production traits in a broiler dam line. Indian Journal of Animal Science, v. 68, p. 1202-1204, 1998.

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L.; VAN VLECK, L. D. et al. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance. USDA-ARS, 1993. 112p.

CARABAÑO, M. J.; DÍAZ, C. Predicción del valor genético. BLUP-Modelo Animal y sus aplicaciones. In. Buxadé, C. Ed Zootecnia- bases de producción animal. Madrid. Mundi-Prensa, 1995. Tomo IV. P 123-135.

CARDELLINO, R. A., ROVIRA, J. Mejoramiento genético animal. Montevideo. Hemisfério Sur, 1987. 253p.

CARNEIRO Jr., J. M., EUCLYDES, R. F., LOPES, P. S. et al., Avaliação de Métodos de Estimación de Componentes de Variância Utilizando Dados Simulados. Revista Brasileira de Zootecnia, v 33, n 2, p. 328 – 336, 2004.

CHUNG, K. H.; SEO, K. S.; LEE, S. C. et al. Estimation of genetic trend on economic traits in a line of White Leghorn layers. Korean Journal of Animal Science, v. 41, p. 271-276, 1999.

CUSTÓDIO, R. W. S. Obtenção de parâmetros genéticos com substituição de galos em galinhas para ovos. Revista Brasileira de Zootecnia, v. 24, p. 697-703, 1997.

DANBARO, G.; OYAMA, K.; MUKAI, F. et al. Heritabilities and genetic correlation from a selection experiment in broiler breeders using restricted maximum likelihood. Japanese Poultry Science, v. 32, p. 257-266, 1995.

DEMPSTER, A. P.; LAIRD, N. M.; RUBIN, D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. Journal Royal Statistic Soc., v 39, p. 1-38, 1977.

ELZO, M. A. Modelos lineares mistos na avaliação de valores genéticos dos animais. Ed. UFV, Viçosa – Minas Gerais, 1989. 647p. (Notas de aula).

FALCONER, D. S. Introdução a genética quantitativa. 3 ed. Harlow. Longman, 1987. 428p.

FIGUEIREDO, E. A. P. Sistema de produção de frango de corte. Concórdia, 2003. Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/SP/aves/index.html>> Acesso em: 26/01/07.

FIGUEIREDO, E. A. P. A evolução da genética avícola e suínica no mundo. Concórdia, 2005. Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/?ids=Sq4r54z6x&ano=2005>> Acesso em: 26/01/07.

FIGUEIREDO, E. A. P.; SCHMIDT, G. S.; ROSA, P. S.; LEDUR, M. C. O programa de melhoramento genético de aves da EMBRAPA. In. SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. Anais... Belo Horizonte. UFMG, 2000. p. 58 - 62.

GAYA, L. G. Estudo genético da deposição de gordura abdominal e de características de desempenho, carcaça e composição corporal em linhagem macho de frango de corte. Dissertação (Mestre em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos. São Paulo: Universidade de São Paulo, 2003. 99p.

GIANOLA, D.; HAMMOND, K. Advances in statistical methods for genetics improvement of livestock. Ed Springer-Verlag, Berlin, 1990. 534p.

GILMOUR, A.R., CULLIS, BR., WELHAM, S.J., THOMPSON, R., ASREML *Users' Manual*. New South Wales Agriculture, Orange, Austrália, 1998.

GILMOUR, A. R., THOMPSON, R., CULLIS, B. R. Average information REML. An efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. *Biometrics*, v 51, p. 1440-1450, 1995.

GRASER, H. U., SMITH, S. P., TIER, B. A derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. *Journal Animal Science*, v 64, p. 1362-1370, 1987.

HARTLEY, H. O.; RAO, J. N. K. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. *Biometrika*, v 54, p.93-108, 1967.

HARVILLE, D. A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. *Journal of the American Statistics Association*, v 72, p. 320-328, 1977.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*, v 9, p. 226-252, 1953.

HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetics advance. In. National Academy of Science/Natural Research Council – NAS/ NRC. Statistical Genetics and Plant Breeding, p. 141-163, 1963.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In. ANIMAL BREEDING GENETIC SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. J. L. LUSH, 1973, Champaign. Proceeding ... Champaign, ASAS/ADSA, 1973. p.10-41.

HENDERSON, C. R. General flexibility of linear model for sire evaluation. Journal Dairy Science, v 57, p. 963-972, 1974.

HENDERSON, C. R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. Biometrics, v32, p. 69-83, 1976.

HENDERSON, C. R. Applications of linear models in animal breeding. Guelph. University of Guelph, 1984. 462p.

HENDERSON, C. R., KEMPTHORNE, O., SEARLE, S. R. et al. Estimation of environmental and genetics trends from records subject to culling. Biometrics, v 15, p. 192-218, 1959.

JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. Journal Dairy Science, v. 78, p. 449-456, 1995.

KENNEDY, B.W. Bias and mean square error from ignoring genetic groups in mixed model sire evaluation. Journal Dairy Science, v. 64, p.689-697,1981.

KENNEDY, B. W.; SORENSEN, D. A. Properties of mixed model methods for prediction of genetic merit under different genetic models in selected and unselected populations. In. International Conference On Quantitative Genetics, 2., 1988, Raleigh. Proceedings...Raleigh. NCSU, 1988. p. 91-103.

KUHLERS, D. L.; MCDANIEL, G. R. Estimates of herdabilities and genetic correlations between tibial dyschondroplasia expression and body weight at two ages in broilers. Poultry Science, v 75, p. 959-961, 1996.

KUMAR, V. P. Heritability and genetic correlation estimates in broiler chicken. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 39, p. 264-265, 2004.

KUMAR, D.; SINGH, C. V.; SINGH, R. V. Estimation of genetic parameters and construction of multi-trait selection indexes using various economic traits in broiler. *Indian Journal of Poultry Science*, v 36, p. 178-182, 2001.

KUMAR, S.; SINGH, R. P.; SINGH, S. K. et al. Study of genetic parameters of broiler sire line. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 37, p. 221-225, 2002.

LEDUR, M. C.; SCHMIDT, G. S.; AVILA, V. S. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso corporal em diferentes idades em linhagens de frango de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 21, p. 667-673, 1992.

LEDUR, M. C.; SCHMIDT, G. S.; AVILA, V. S. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos em linhagens de aves selecionadas para corte. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 29, p. 503-508, 1994.

LOPES, P. S.; MARTINS, E. N.; SILVA, M. A. et al. Estimação de Componentes de Variância. Ed. UFV, Viçosa-Minas Gerais, 1993. p 61.

LOPES, P. S.; QUAAS, R. L. Estimação de parâmetros genéticos em aves de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 26, p. 1119-1123, 1997.

MALLIK, B. N.; MISHRA, P. K.; MISHRA, S. C. Inheritance of 6-week body weight, breast angle, shank length and keel length in broiler chickens. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 32, p. 249-252, 1997.

MALLIK, B. K.; MISHRA, P. K.; MISHRA, S. C. et al. Evaluation of genetic parameters in a synthetic broiler chicken flock due to selection for high six week body weight. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 38, p. 225-229, 2003.

MARTINS, E. N. Perspectivas do melhoramento genético de codornas no Brasil. In. SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 1., 2002, Lavras. Anais... Lavras. UFLA, 2002. p. 109 - 112.

MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, M. A. et al. Uso de modelos mistos na avaliação genética animal. Ed. UFV, Viçosa-Minas Gerais, 1997. 121p.

MEYER, K. DFREML – A set programs to estimate variance components under an individual animal model. *Journal Dairy Science*, v 71, suppl. 2, p. 33-34, 1988.

MEYER, K. Restricted maximum likelihood to estimate variance components for animal models with several random effects using a derivative-free algorithm. *Genetics Selection Evolution*, v 21, p. 317-340, 1989.

MEYER, K. An “average information” restricted maximum likelihood algorithm for estimating reduced rank genetic covariance matrices or covariance functions for animal models with equal design matrices. *Genetics Selection Evolution*, v 29, p. 97-116, 1997.

MEYER, K.; THOMPSON, R. Bias in variance and covariance components estimators due to selection on a correlated trait. *Journal Animal Breeding Genetic*, v 71, p. 773-779, 1984.

MICROSOFT® Excel 2000, Copyright © 1985-1999. Microsoft Corporation Advanced Software, Inc. Santa Rosa, 1997.

MISZTAL, I. Comparison of computing properties of derivative and derivative-free algorithms in variance components estimation by REML. *Journal Animal Breeding Genetics*, v 111, p. 342-355, 1994.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, v 58, p.545-554, 1971.

PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético Aplicado à produção Animal. Ed. UFMG, Belo Horizonte - MG, 1996, 416p.

PIRCHNER, F. Population genetics in animal breeding. Londres. Plenum, 1983. 414p.

QUAAS, R. L. Linear prediction. In. QUAAS, R. L.; ANDERSON, R. D.; GILMOUR, A. R. (Eds.) Use of mixed models for prediction and for estimation of (co)variance components. Armidale. University of New England-AGBU, 1984, p. 1-76.

RANCE, K. A.; McENTEE, G. M.; McDEVITT, R. M. Genetic and phenotypic relationships between and within support and demand tissues in a single line of broiler chicken. *British Poultry Science*, v. 43, p. 518-527, 2002.

RAO, C. R. Estimation of heteroscedastic variances in linear models. *Journal American Statistical Association*, v 65, p. 161-172, 1970.

RAO, C. R. Estimation of variance and covariance components – MINQUE Theory. *Journal of Multivariate Analysis*, v 1, p. 257 – 275, 1971a.

RAO, C. R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. *Journal of Multivariate Analysis*, v 1, p. 445 – 456, 1971b.

RESENDE, M. D. V. Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal. Tese (Doutor em Genética) – Departamento de Genética. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 1999. 405p.

RESENDE, M. D. V.; ROSA-PEREZ, J. R. H. Genética e Melhoramento de Ovinos. Curitiba. Ed. UFPR, 2001. 185 p.

SANTINI, G. A. Dinâmica tecnológica da cadeia de frango de corte no Brasil. Análise dos segmentos de insumo e processamento. Tese (Doutor em Engenharia de Produção) – Centro de Ciências Exatas e Tecnologia. São Carlos: Universidade Federal de São Carlos, 2006. 269p.

SCHMIDT, G. S.; COSTA, C. N.; LEDUR, M. C. et al. Herdabilidade do peso aos 42 dias de linhagens de aves para corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 21, p. 772-778, 1992.

SCHMIDT, G. S.; COUTINHO, L.L; FIGUEIREDO, E. A. P. et al. Morphological genetic markers for selection of broiler lines. *Revista Brasileira de Ciência Avícola*, v. 5, p. 175-178, 2003.

SCHMIDT, G. S.; FIGUEIREDO, E. A. P.; LEDUR, M. C. et al. Efeito da seleção para características produtivas sobre o intervalo de oviposição em linhagens de aves para postura. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 22, p. 289-293, 1997.

SCHMIDT, G. S.; FIGUEIREDO, E. A. P.; LEDUR, M. C. Genetic gain for body weight, feed conversion and carcass traits in selected broiler strains. *Revista Brasileira de Ciência Avícola*, v. 8, p. 29-32, 2006.

SEARLE, S. R. *Linear models*. Ed. John Wiley & Sons, New York, 1971. 532p.

SEARLE, S. R. *Linear models for unbalanced data*. Ed. John Wiley & Sons, New York, 1987. 536p.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. *Variance components*. Ed John Wiley & Sons, New York, 1992. 528p.

SHAW, R. G. Maximum likelihood approaches to quantitative genetics of natural populations. *Evolution*, v 41, p. 812-826, 1987.

SILVA, M. A. *Índices de seleção*. Ed UFV, Viçosa-Minas Gerais, 1980. 65p.

SINGH, S.; CHHIKARA, B. S.; DALAL, D. S. et al. Estimation of genetic and phenotypic parameters of economic traits of White Leghorn. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 36, p. 163-168, 2001.

SINGH, U. B.; GUPTA, U. D.; SINGH, C. V. et al. Evaluation of genetic parameters in a selected synthetic sire of broilers. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 34, p. 25-28, 1999.

SINGH, B.; SINGH, H.; SINGH, C. V. et al. Genetic parameters of growth, egg production and egg quality traits in White Leghorn. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 35, p. 13-16, 2000.

SINGH, S.; SINGH, R. V.; SINGH, B. P. et al. Inheritance of growth and conformation traits in broiler chickens. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 33, p. 74-76, 1998.

SINGH, R.; TREHAN, P. K. Genetic and phenotypic parameters of body and muscle weights and abdominal fat in meat-type chicken. *Indian Journal of Animal Science*, v. 64, p. 388-392, 1994.

SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Analysis of selection experiments using mixed model methodology. *Journal of Animal Science*, v. 63, p.245-258, 1986.

SMITH, E. J.; SAVAGE, T. F.; HARPER, J. A. Genetic variation in the incidence of pipped eggs in turkey selected for low and high semen ejaculate volume. *Poultry Science*, v. 70, p. 2219-2222, 1991.

WANG, L.; MCMILLAN, I.; CHAMBERS, J. R. Genetic correlations among growth, feed and carcass traits of broiler and dam populations. *Poultry Science*, v. 70, p. 719-725, 1991.

ZIEBA, G.; UKASZEWICZ, M.; TWARDOWSKA, M. et al. Genetic trends of laying in maternal (M55) and paternal (V44) strains of hens, *Animal Science Papers and Reports*, v. 21, p. 241-249, 2003.