

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS ATRAVÉS DO MÉTODO SIMPLES DE HENDERSON¹

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS², MARIA JOSÉ PEGORIN³,
MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR² e ADRIANA DE CÁSSIA FAVORETTI³

RESUMO - Uma extensão do Método Iterativo Simples de Henderson, para estimar (co)variâncias de um modelo de touro considerando três características, é apresentada. O método requer que a primeira característica não tenha dados perdidos, podendo haver para a segunda e a terceira, desde que o descarte ou a eliminação sejam seqüenciais. Para a obtenção das soluções aproximadas de touros, os efeitos fixos são absorvidos dentro dos efeitos aleatórios, e as esperanças de formas quadráticas destas soluções são igualadas aos respectivos valores esperados para estimar as (co)variâncias. O método não requer inversão de matrizes, pois mostra ser útil para manejar grandes arquivos de dados; porém, as soluções são aproximadas. Com a manipulação adequada das formas quadráticas, o parentesco entre touros pode ser obtido. Usando este método, (co)variâncias foram estimadas para os pesos à desmama e aos doze meses e para a circunferência escrotal aos 12 meses de idade dos bovinos, e os resultados comparados às estimativas obtidas do método 3 de Henderson.

Termos para indexação: componentes de variância, touros, dados perdidos, matrizes, desmama.

GENETIC PARAMETER ESTIMATION FOR MULTIPLE-TRAITS BY HENDERSON'S SIMPLES METHOD

ABSTRACT - An extension of the Iterative Henderson Simple Method (IHSM) for (co)variance components estimation in a multiple-trait sire model is presented. The method requires there be no missing data for the first trait but allows for missing data in the second and third traits, if in sequential culling. The fixed effects are absorbed into random effects in order to obtain approximate sire solution, and the expectation of the quadratic equation composed of the approximate solutions are equated to their expected values for estimating (co)variance components. The method does not require any inversion of matrices, and proved to be useful for manipulating large data sets; however, solutions are of approximate value. With proper manipulation of the quadratic terms, the relationship among sires may be obtained. Using body weights at weaning and at 12 months of age and scrotal circumference at 12 months of age, variance and (co)variance estimates obtained by IHSM and Henderson's Method 3 were compared.

Index terms: variance components, sire, missing records, matrices, weaning.

¹ Aceito para publicação em 12 de abril de 1995.

Trabalho desenvolvido no Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste - CPPSE.

² Eng. Agr., Ph.D., EMBRAPA - Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste (CPPSE), Fazenda Canchim, Caixa Postal 339, CEP 13560-970 São Carlos, SP.

³ Bacharelado em Estatística, Univ. Fed. de São Carlos. São Carlos, SP.

INTRODUÇÃO

As informações dos parâmetros genéticos no melhoramento animal, em nosso País, em geral, são limitadas às obtidas através do método 3 de Henderson (H3), para características univariadas.

O uso de métodos teoricamente mais apropriados, tais como o da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), principalmente para características múltiplas, é muitas vezes proibitivo, dada a carga computacional exigida em cada iteração.

Neste trabalho foi utilizada uma extensão do Método Iterativo Simples de Henderson (IHSM), descrito em Henderson (1984), para a obtenção de estimativas de (co)variâncias em um modelo de touro e características múltiplas. O método mostrou ser útil principalmente para a manipulação de populações grandes, pois não requer a inversão de matrizes.

O propósito deste trabalho foi: 1) propor uma extensão do método IHSM para estimar variâncias em um modelo de touro com três características; 2) comparar as estimativas obtidas através do IHSM e H3.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de 890 bezerros da raça Canchim, provenientes de três fazendas do Estado de São Paulo: Canchim (EMBRAPA/UEPAE, de São Carlos), Baliza (Lucélia) e Santa Úrsula (Itai).

Os cuidados dispensados aos animais nas três fazendas foram bastante semelhantes, sendo o manejo feito em regime de pasto com fornecimento de sal mineralizado à vontade e com os cuidados sanitários normais de cada região. Os animais nasceram de 1982 a 1990 e foram consideradas duas épocas de nascimento (época 1: maio a junho; época 2: agosto a dezembro).

As características analisadas foram o peso à desmama (Y_1), peso aos doze meses de idade (Y_2) e a circunferência escrotal aos doze meses de idade (Y_3), em que:

$$y_1 = PN + (PD - PN)/(I \times 240)$$

$$y_2 = y_1 + (P_{12} - PD)/(I_2 - I_1) \times 125$$

onde PN, PD, P_{12} são pesos observados ao nascimento, à desmama e aos doze meses de idade, respectivamente; e I_1 e I_2 são as idades à desmama e à pesagem P_{12} , respectivamente.

Os efeitos de ano e época de nascimento foram absorvidos nas equações para os efeitos aleatórios (touro). Os efeitos contemporâneos para cada característica foram Fazenda e ANE (Tabela 1).

TABELA 1. Descrição dos dados para as três características de animais Canchim.

Fazenda	Número de registros	Grupos contemporâneos	Número de touros
Canchim	565	15	139
Baliza	219	11	36
Santa Úrsula	105	8	30

Descrição teórica do IHSM

Este método é uma extensão do IHSM descrito por Henderson (1984), para o caso multivariado, conforme Bertrand & Kriese (1990). O modelo de touro adotado foi:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

em que y_1, y_2, y_3 são os vetores de registros; b_1, b_2 e b_3 são os efeitos fixos de grupos contemporâneos; u_1, u_2, u_3 são os efeitos aleatórios de touros; e e_1, e_2, e_3 são os efeitos aleatórios residuais, respectivamente, para as três características. X e Z são matrizes de incidência de zeros e uns, relacionando os efeitos específicos aos vetores de dados observados. Matrizes são representadas por letras maiúsculas, e vetores, por letras minúsculas. Este método requer que os efeitos fixos sejam absorvidos dentro dos efeitos aleatórios. As equações do modelo misto (EMM), após a absorção, são:

$$\begin{bmatrix} Z_1 M_{11} Z_1 + Z_1 M_{12} Z_2 + Z_1 M_{13} Z_3 \\ Z_2 M_{12} Z_1 + Z_2 M_{22} Z_2 + Z_2 M_{23} Z_3 \\ Z_3 M_{13} Z_1 + Z_3 M_{23} Z_2 + Z_3 M_{33} Z_3 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \tilde{u}_1 \\ \tilde{u}_2 \\ \tilde{u}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Z_1 M_{11} y_1 + Z_1 M_{12} y_2 + Z_1 M_{13} y_3 \\ Z_2 M_{12} y_1 + Z_2 M_{22} y_2 + Z_2 M_{23} y_3 \\ Z_3 M_{13} y_1 + Z_3 M_{23} y_2 + Z_3 M_{33} y_3 \end{bmatrix} \quad [1]$$

As estimativas $\tilde{u}_1, \tilde{u}_2, \tilde{u}_3$, onde o "til" significa soluções aproximadas, são obtidas pela divisão do lado direito das EMM, para cada efeito aleatório, pelo correspondente elemento diagonal da matriz de coeficientes, conforme segue:

$$\begin{bmatrix} \tilde{u}_1 \\ \tilde{u}_2 \\ \tilde{u}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} D^{11} & D^{12} & D^{13} \\ D^{12} & D^{22} & D^{23} \\ D^{13} & D^{23} & D^{33} \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} Z_1 M_{11} y_1 & Z_1 M_{12} y_2 & Z_1 M_{13} y_3 \\ Z_2 M_{12} y_1 + Z_2 M_{22} y_2 + Z_2 M_{23} y_3 \\ Z_3 M_{13} y_1 & Z_3 M_{23} y_2 & Z_3 M_{33} y_3 \end{bmatrix} \quad [2]$$

O fato de todos os animais possuírem informações para as três características e as matrizes delineamento serem iguais para todas as características possibilitou as seguintes simplificações matriciais:

$$X_1 = X_2 = X_3 = X; \quad Z_1 = Z_2 = Z_3 = Z; \quad M_1 = M_2 = M_3 = M.$$

Para $i, j = 1, 2, 3$ ($i \leq j$), tem-se:

$$D_{ij} = \text{diag} (r^{ij} * Z' M Z + g^{ij} * I_N):$$

$$M = I - X (X' X)^{-1} X \quad \text{e} \quad Z' M_{ij} y_j = Z' M y_j * r^{ij}$$

A matriz M é simétrica e idempotente, ou seja, $M = M'$ e $MM = M$ (Seber, 1977). As matrizes de (co)variâncias residual e genética e suas inversas são definidas por:

$$\begin{bmatrix} \Gamma_{11} & \Gamma_{12} & \Gamma_{13} \\ \Gamma_{12} & \Gamma_{22} & \Gamma_{23} \\ \Gamma_{13} & \Gamma_{23} & \Gamma_{33} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \Gamma_{11} & \Gamma_{12} & \Gamma_{13} \\ \Gamma_{12} & \Gamma_{22} & \Gamma_{23} \\ \Gamma_{13} & \Gamma_{23} & \Gamma_{33} \end{bmatrix}^{-1} \quad [3]$$

$$\begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} & g_{13} \\ g_{12} & g_{22} & g_{23} \\ g_{13} & g_{23} & g_{33} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} & g_{13} \\ g_{12} & g_{22} & g_{23} \\ g_{13} & g_{23} & g_{33} \end{bmatrix}^{-1} \quad [4]$$

g_{ij} = covariância genética entre as características i e j ;
 Γ_{ij} = covariância residual entre as características i e j ;
 I = matriz-identidade de ordem apropriada.

$$\begin{bmatrix} D_{11} & D_{12} & D_{13} \\ D_{12} & D_{22} & D_{23} \\ D_{13} & D_{23} & D_{33} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} D_{11} & D_{12} & D_{13} \\ D_{12} & D_{22} & D_{23} \\ D_{13} & D_{23} & D_{33} \end{bmatrix}^{-1} \quad [5]$$

Como é usada diagonal de $(r^{ij} * Z'MZ + g^{ij} * I_N)$ em substituição a $(r^{ij} * Z'MZ + g^{ij} * I_N)$, os vetores \tilde{u}_i em [2] são soluções aproximadas e, portanto, não consideram quaisquer ajustes de vícios devidos à seleção. Conforme discutido por Ouweltjes et al. (1988), soluções exatas das EMM e elementos inversos da matriz de coeficientes contêm informações relevantes para o ajuste devido à seleção.

As esperanças matemáticas dos componentes de (co)variâncias das características usando o modelo de touro e a correlação entre meio-irmãos paternos, assim como as variâncias dos vetores de efeitos aleatórios u e e são definidas em Bertrand & Kriese (1990).

A inversa da matriz de coeficientes, composta por submatrizes diagonais conforme [5], foi obtida através de partição de matrizes (Seber, 1977). Porém, manipulando cada submatriz como vetor, resulta um método bastante rápido e eficiente, possibilitando a manipulação de grande volume de dados.

Como o uso de \tilde{u}_i não envolve quaisquer elementos fora da diagonal da matriz de coeficientes, o método IHSM não considera tendências genéticas e/ou seleção, podendo-se admitir vícios nas estimativas, à medida que descartes ou eliminações seqüenciais são efetuados.

As equações lineares usadas para estimar (co)variâncias genéticas e residuais foram obtidas igualando-se as formas quadráticas $y'My$ e $\hat{u}'\hat{u}$ às respectivas es-

peranças, utilizando-se da propriedade $E(y'Qy) = \text{traço}(QV) + E(y')QE(y)$, e o fato de que para quaisquer duas matrizes A e B, $\text{traço}(AB) = \text{traço}(BA)$ e ainda que $M'M=M$ (SEBER, 1977).

Tomando-se um dos componentes do sistema de equações em [2] que participam na estimativa de u_1 , por exemplo, $\tilde{u}_1 = r_{11} D^{11} Z'MY_1$, e obtendo-se a esperança, tem-se:

$$\begin{aligned} E(\tilde{u}_1 \tilde{u}_1) &= \sigma^2 \{ r_{11} D^{11} Z'M(Z'Z_{s11} + I_{r11}) r_{11} MZ D^{11} \} \\ &+ \sigma^2 \{ r_{11} r_{11} D^{11} Z'MZ Z'MZ D^{11} s_{11} + r_{11} r_{11} D^{11} Z'MZ D^{11} r_{11} \} \\ &+ \sigma^2 \{ r_{11} r_{11} D^{11} Z'MZZ'MZ D^{11} s_{s11} + \} \\ &+ \sigma^2 \{ r_{11} r_{11} D^{11} Z'MZ D^{11} r_{11} \} \end{aligned}$$

Calculando-se de maneira similar a esperança dos demais termos das formas quadráticas $y' My_j$ e $\tilde{u}_i \tilde{u}_j$ e considerando ainda $P = Z'MZZ'MZ$, obtém-se o conjunto de equações lineares abaixo para $i, j = 1, 2, 3$ ($i < j$). O procedimento usado é uma extensão do modelo de duas características proposto por Bertrand & Kriese (1990).

$$\begin{aligned} \text{a) } E(\tilde{u}_1 \tilde{u}_1) &= \\ &+ \sigma^2 \{ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{11} r_{ij}^{11} D^{11} P D^{11} s_{s11}^{1j} + \sum_i \sum_j r_{ij}^{2i} r_{ij}^{2j} D^{11} P D^{11} s_{s22}^{1j} + \\ &+ \sum_i \sum_j r_{ij}^{3i} r_{ij}^{3j} D^{11} P D^{11} s_{s33}^{1j} + \\ &+ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{li} r_{ij}^{2j} D^{11} P D^{11} s_{s12}^{1j} + (\sum_i \sum_j r_{ij}^{2j} r_{ij}^{li} D^{11} P D^{11} s_{s12}^{li} + \\ &+ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{11} r_{ij}^{3j} D^{11} P D^{11} s_{s13}^{1j} + (\sum_i \sum_j r_{ij}^{3i} r_{ij}^{li} D^{11} P D^{11} s_{s13}^{li} + \\ &+ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{2i} r_{ij}^{3j} D^{11} P D^{11} s_{s23}^{1j} + (\sum_i \sum_j r_{ij}^{3j} r_{ij}^{2i} D^{11} P D^{11} s_{s23}^{li} \} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{b) } E(\tilde{u}_1 \tilde{u}_2) &= \\ &+ \sigma^2 \{ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{li} r_{ij}^{1j} D^{li} P D^{2j} s_{s11}^{2j} + \sum_i \sum_j r_{ij}^{2i} r_{ij}^{2j} D^{li} P D^{2j} s_{s22}^{2j} + \\ &+ \sum_i \sum_j r_{ij}^{3i} r_{ij}^{3j} D^{li} P D^{2j} s_{s33}^{2j} + \\ &+ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{li} r_{ij}^{2j} D^{li} P D^{2j} s_{s12}^{2j} + (\sum_i \sum_j r_{ij}^{2i} r_{ij}^{1j} D^{li} P D^{2j} s_{s12}^{2j} + \\ &+ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{li} r_{ij}^{3j} D^{li} P D^{2j} s_{s13}^{2j} + (\sum_i \sum_j r_{ij}^{3i} r_{ij}^{1j} D^{li} P D^{2j} s_{s13}^{2j} + \\ &+ (\sum_i \sum_j r_{ij}^{2i} r_{ij}^{3j} D^{li} P D^{2j} s_{s23}^{2j} + (\sum_i \sum_j r_{ij}^{3i} r_{ij}^{2j} D^{li} P D^{2j} s_{s23}^{2j} \} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 \text{c) } E\{\tilde{u}_2 \tilde{u}_2\} = & \\
 & \sigma \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{1j} D^{2i} PD^{2j} \right)_{\mathbb{R}11} + \sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{2j} D^{2i} PD^{2j} \right)_{\mathbb{R}22} + \\
 & \sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3i} r^{3j} D^{2i} PD^{2j} \left. \right)_{\mathbb{R}33} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{2j} D^{2i} PD^{2j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2j} r^{li} D^{2j} PD^{2i} \right) \right)_{\mathbb{R}12} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{3j} D^{2i} PD^{2j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3j} r^{3i} D^{2j} PD^{2i} \right) \right)_{\mathbb{R}13} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{3j} D^{2i} PD^{2j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3j} r^{2i} D^{2j} PD^{2i} \right) \right)_{\mathbb{R}23}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 \text{d) } E\{\tilde{u}_1 \tilde{u}_3\} = & \\
 & \sigma \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{1j} D^{li} PD^{3j} \right)_{\mathbb{R}11} + \sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{2j} D^{li} PD^{3j} \right)_{\mathbb{R}22} + \\
 & \sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3i} r^{3j} D^{li} PD^{3j} \left. \right)_{\mathbb{R}33} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{2j} D^{li} PD^{3j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{1j} D^{li} PD^{3j} \right) \right)_{\mathbb{R}12} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{3j} D^{li} PD^{3j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3i} r^{1j} D^{li} PD^{3j} \right) \right)_{\mathbb{R}13} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{1j} D^{li} PD^{3j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3i} r^{2j} D^{li} PD^{3j} \right) \right)_{\mathbb{R}23}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 \text{e) } E\{\tilde{u}_2 \tilde{u}_3\} = & \\
 & \sigma \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{1j} D^{2i} PD^{3j} \right)_{\mathbb{R}11} + \sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{2j} D^{2i} PD^{3j} \right)_{\mathbb{R}22} + \\
 & \sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3i} r^{3j} D^{2i} PD^{3j} \left. \right)_{\mathbb{R}33} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{2j} D^{2i} PD^{3j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{1j} D^{2i} PD^{3j} \right) \right)_{\mathbb{R}12} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^l r^{3j} D^{2i} PD^{3j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3i} r^{1j} D^{2i} PD^{3j} \right) \right)_{\mathbb{R}13} + \\
 & \left(\left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{2i} r^{3j} D^{3i} PD^{3j} \right) + \left(\sum_{i,j} \sum_{l,i} r^{3i} r^{2j} D^{3i} PD^{3j} \right) \right)_{\mathbb{R}23}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 f) E[u_3 u_3] = & \sigma^2 \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{11} + \sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{22} + \\
 & \sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{33} + \\
 & \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{12} + \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{12} + \\
 & \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{13} + \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{13} + \\
 & \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{23} + \left(\sum_{i,j} r_i^2 r_j^2 D^{3i} P D^{3j} \right)_{23}
 \end{aligned}$$

As equações abaixo de g a m foram obtidas considerando-se a simplificação:

$$M_1 = M_2 = M_3 = M_1 M_2 = M_1 M_3 = M_2 M_3 = M$$

$$g) E[y_1' M y_1] = \sigma^2 [Z' M Z] \tilde{e}_{11} + \sigma^2 [M] \tilde{r}_{11}$$

$$h) E[y_1' M y_2] = \sigma^2 [Z' M Z] \tilde{e}_{12} + \sigma^2 [M] \tilde{r}_{12}$$

$$i) E[y_1' M y_3] = \sigma^2 [Z' M Z] \tilde{e}_{13} + \sigma^2 [M] \tilde{r}_{13}$$

$$j) E[y_2' M y_2] = \sigma^2 [Z' M Z] \tilde{e}_{22} + \sigma^2 [M] \tilde{r}_{22}$$

$$l) E[y_2' M y_3] = \sigma^2 [Z' M Z] \tilde{e}_{23} + \sigma^2 [M] \tilde{r}_{23}$$

$$m) E[y_3' M y_3] = \sigma^2 [Z' M Z] \tilde{e}_{33} + \sigma^2 [M] \tilde{r}_{33}$$

A organização destas equações lineares é complexa; entretanto, para determinado número de características e modelo, este trabalho é único. Os demais cálculos envolvem apenas multiplicações matriciais de elementos diagonais.

Nas equações de a até f são apresentados os termos para (co) variâncias genéticas, sendo que os termos para (co) variâncias residuais são os mesmos, exceto a matriz P, que é substituída por $Q = Z' M Z$. Em cada iteração, novas estimativas são obtidas e utilizadas nas equações de [1] a [5] para obtenção de novas formas quadráticas $y' M y$ e $\tilde{u}' \tilde{u}$, que, por sua vez, participam nas doze equações lineares, e o processo continua até que uma estimativa e a subsequente for inferior a 10^{-4} .

O método aqui usado é facilmente estendido a situações em que alguns animais não possuem informações sobre todas as características, como ocorre, por exemplo, no caso de descartes sequenciais. Entretanto, não devem existir dados perdidos para a primeira característica, ainda que os grupos contemporâneos da segunda sejam um subgrupo da primeira, e assim por diante. Por exemplo, no caso de vacas leiteiras, todas devem possuir a primeira lactação, algumas podem ser descartadas para a segunda, porém as que possuem a terceira necessariamente devem possuir as duas primeiras. Assim, algumas alterações do método para $i, j = 1, 2, 3$ ($i \leq j$) são:

$$i) M_1^{-1} - X_1(X_1'X_1)^{-1}X_1'; M_2^{-1} - X_2(X_2'X_2)^{-1}X_2'; M_3^{-1} - X_3(X_3'X_3)^{-1}X_3'$$

em que J e K são matrizes identidade de ordem apropriada;

$$ii) M_{ij} = M_j \cdot r^{ij}$$

$$\text{exceção } M_{11} = (M_1 - M_2) \cdot 1/r_{11} + M_2 \cdot r^{11}$$

$$iii) Z_1 M_{ij} Z_j' = Z_1 M_j Z_j' \cdot r^{ij}$$

$$\text{exceção } Z_1 M_{11} Z_1' = (Z_1 M_1 Z_1' - Z_2 M_2 Z_2') \cdot 1/r_{11} + Z_2 M_2 Z_2'$$

$$iv) Z_i M_{ij} Y_j = Z_i M_j Y_j * r^{ij}$$

$$\text{exceção } Z_1 M_{11} Y_1 = (Z_1 M_1 Y_1 - Z_2 M_2 Y_1) * 1/r_{11} + Z_2 M_2 Y_1$$

v) As formas quadráticas necessárias de g) até m) são:

$$Y_1' M Y_1, Y_1' M_1 M_2 Y_2, Y_1' M_1 M_3 Y_3, Y_2' M_2 Y_2, Y_2' M_2 M_3 Y_3 \text{ e } Y_3' M_3 Y_3$$

As dimensões de y, X e Z são as mesmas em todas as características, pois os valores perdidos são representados por zeros nos vetores e matrizes apropriados.

A matriz numerador de parentesco entre touros pode facilmente ser incorporada utilizando-se este método, porém há necessidade de se usarem ambas as formas, A e A⁻¹, apropriadamente, nas formas quadráticas e suas esperanças. Assim, a E[$\tilde{u}_j, A^{-1} \tilde{u}_j$] = tr[A⁻¹ var(\tilde{u}_j)] em substituição a tr[var(\tilde{u}_j)], o que implica as seguintes alterações:

$$a) D_{ij} = \text{diag} [r^{ij} * Z' M Z + g^{ij} * A^{-1}] \text{ e } P = Z' M Z A Z' M Z;$$

b) nas doze equações a) até m), os termos associados às (co)variâncias genéticas são pré-multiplicados por A⁻¹ (inversa de A), ou seja, tr { } \tilde{g}_{ij} e substituído por A⁻¹ * tr { } \tilde{g}_{ij} .

As estimativas de herdabilidade e correlações foram obtidas considerando a correlação entre meio-irmãos paternos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de (co) variâncias genéticas e residuais estão nas Tabelas 2 e 3. Com apenas três iterações, obteve-se o valor inteiro destas, porém foram necessárias 20 iterações para se ter precisão de seis dígitos. Como os valores iniciais das estimativas de (co) variâncias foram os estimados pelo método 3 de Henderson, a diferença entre os valores obtidos à

convergência e os valores iniciais refletem a diferença entre os dois métodos, sendo a maior discrepância verificada nas (co)variâncias residuais.

Para analisar o resultado à convergência, a soma e a variância das soluções aproximadas de touro foram obtidas para cada característica (Tabela 4). Observa-se que, na convergência, valores de $\sum \tilde{u}_1$, ou seja, a soma das soluções aproximadas de touros para a i-ésima característica foi mais próxima de zero e com variância menor, sugerindo uma redução nos valores absolutos das estimativas dos efeitos aleatórios de touros, o que indica uma eficiência do método à convergência.

TABELA 2. Estimativas de (co)variâncias genéticas^a obtidas por IHSM em cada iteração (ITER).

ITER	\hat{g}_{11} (kg ²)	\hat{g}_{12} (kg ²)	\hat{g}_{13} (kg x cm)	\hat{g}_{22} (kg ²)	\hat{g}_{23} (kg x cm)	\hat{g}_{33} (cm ²)
0 ^b	164.06000	188.00000	10.40000	239.04000	13.31000	0.89000
1	169.26087	195.44970	10.30774	274.79779	14.08903	0.95230
2	168.12508	192.79500	10.05901	275.95182	14.19327	0.93398
5	167.83226	192.09270	9.99281	278.75631	14.27114	0.94147
10	167.82670	192.07130	9.99228	278.82243	14.27687	0.94183
15	167.82669	192.07128	9.99228	278.82264	14.27689	0.94183
20	167.82669	192.07128	9.99227	278.82264	14.27689	0.94184

^a Covariância genética entre a característica i e j.

^b Estimativas obtidas de acordo com o método 3 de Henderson (1953).

TABELA 3. Estimativas de variâncias residuais^a obtidas por IHSM em cada iteração (ITER).

ITER	\hat{r}_{11} (kg ²)	\hat{r}_{12} (kg ²)	\hat{r}_{13} (kg x cm)	\hat{r}_{22} (kg ²)	\hat{r}_{23} (kg x cm)	\hat{r}_{33} (cm ²)
0 ^b	792.34000	606.70000	22.23000	1173.19000	49.59000	8.04000
1	880.92064	724.35667	23.25666	1488.90829	58.49239	8.48793
2	881.88811	726.61710	23.45925	1487.07348	58.40359	8.50353
5	882.14104	727.22469	23.52492	1485.53642	59.33693	8.49715
10	882.14227	727.23441	23.52537	1485.48009	58.33234	8.49685
15	882.14228	727.23442	23.52539	1485.47992	58.33237	8.49684
20	882.14228	727.23442	23.52537	1485.47992	58.33237	8.49684

^a Covariância genética entre a característica i e j.

^b Estimativas obtidas de acordo com o método 3 de Henderson (1953).

TABELA 4. Soma e variância das soluções aproximadas de touros no início (\tilde{u}_0) e no final (\tilde{u}_t) para cada característica.

	$\sum \tilde{u}_0$	$\sum \tilde{u}_t$	Var(\tilde{u}_0)	Var(\tilde{u}_t)
\tilde{u}_1	-63.8574	-57.2714	124.8901	114.1281
\tilde{u}_2	-78.3027	-76.3116	188.6413	98.6624
\tilde{u}_3	-4.2608	-5.8322	0.6189	0.3157

Na ausência de seleção, o método IHSM tem apresentado resultados similares aos obtidos por H3 (Hudson & Van Vleck, 1982) e REML (Bertrand & Benyshek, 1987; Ouweltjes et al., 1988). Por outro lado, quando a seleção ou o descarte foi praticado em dados experimentais ou de simulação, os resultados obtidos por IHSM, considerando modelo de touro, foram indesejáveis em análises univariadas (Ouweltjes et al., 1988; Van Raden & Jung, 1988) e semelhantes aos obtidos por REML em características múltiplas (Bertrand & Kriese, 1990).

O uso do IHSM para estimar parâmetros genéticos de características múltiplas e populações grandes tem sido enfatizado (Bertrand & Kriese, 1990; Kriese et al., 1991a e Freitas, 1991).

As estimativas de (co)variâncias genética (Tabela 5), residual (Tabela 6), de herdabilidade e de correlações (Tabela 7) obtidas pelo método IHSM apresentaram uma diferença de até 8% em relação às obtidas pelo método 3 de Henderson. Por outro lado, Bertrand & Kriese (1990) encontraram esta amplitude quando compararam estas estimativas obtidas pelo IHSM com as obtidas por REML e pelo método da pseudo-esperança com dados simulados, sob várias intensidades de seleção.

A correlação fenotípica entre y_1 e y_3 foi de baixa a moderada, e a correlação genética, alta, o que indica que o mesmo conjunto de genes controla estas duas características; porém o peso à desmama não é bom indicador da circunferência escrotal aos doze meses. Os vários fatores não-genéticos (variância ambiental) afetaram estas duas características de modo diferente, haja vista a correlação ambiental negativa entre elas, pos-

TABELA 5. Estimativas de (co)variâncias genética e aditiva dos pesos à desmama (y_1), aos doze meses (y_2), e da circunferência escrotal aos doze meses de idade (y_3), obtidas por IHSM e Método 3 de Henderson (H3).

	2 A1	σ_{A1A2}	σ_{A1A3}	2 A2	σ_{A2A3}	2 A3
IHSM	661.6067	545.4258	17.6440	1114.1100	43.7493	6.3726
H3	594.2915	455.0251	16.6725	879.8924	37.1925	6.0312

TABELA 6. Estimativas de (co)variâncias ambiental dos pesos à desmama (y_1), aos doze meses (y_2) e da circunferência escrotal aos doze meses de idade (y_3), obtidas por IHSM e Método 3 de Henderson (H3).

	2 E1	$\hat{\sigma}_{E1E2}$	$\hat{\sigma}_{E1E3}$	2 E2	$\hat{\sigma}_{E2E3}$	2 E3
IHSM	220.5356	181.8086	5.8813	371.3700	14.5831	2.1242
H3	198.0972	151.6750	5.5575	293.2975	12.3975	2.0100

TABELA 7. Estimativas de herdabilidade e de correlações genética, fenotípica, ambiental e residual do peso à desmama (y_1), aos doze meses (y_2) e circunferência escrotal (y_3), obtidas pelo método IHSM.

	y_1	y_2	y_3
v_1	0.6393	0.8879 ^a 0.6754 0.3046 0.6352	0.7948 0.3367 -0.1392 0.2717
v_2		0.6321	0.8810 0.5627 0.2555 0.5192
v_3			0.3991

^a Os quatro valores acima são, pela ordem, correlações genética, fenotípica, ambiental e residual.

TABELA 8. Estimativas de herdabilidade e de correlações genética, fenotípica, ambiental e residual do peso à desmama (y_1), aos doze meses (y_2) e circunferência escrotal (y_3) obtidas pelo método 3 de Henderson.

	y_1	y_2	y_3
v_1	0.6862	0.9493 0.6838 0.1154 0.6293	0.8607 0.3531 -0.2234 0.2785
v_2		0.6770	0.9125 0.5601 0.1952 0.5108
v_3			0.3986

^a Os quatro valores acima são, pela ordem, correlações genética, fenotípica, ambiental e residual.

sivelmente por causa de efeitos de ganho compensatórios da desmama aos doze meses. Correlação ambiental negativa entre PD e ganho pós-desmama, por exemplo, foi encontrada e atribuída, segundo Kriese et al. (1991a) e Kriese et al. (1991b), a ganhos compensatórios.

CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos pelo IHSM e em considerações teóricas, tais como a velocidade de convergência, a facilidade de manipular grandes arquivos de dados e, ainda, a inclusão do parentesco entre os animais, o método aqui proposto é uma alternativa útil para estimar

(co)variâncias, correlações e herdabilidades. Entretanto, na presença de descarte ou seleção, as estimativas obtidas são viciadas, havendo a necessidade de usar simulação para determinar a magnitude do vício.

REFERÊNCIAS

- BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Variance and covariance estimates for maternally influenced beef growth traits. *Journal of Animal Science*, Champaign, v.64, n.3, p.728-734, 1987.
- BERTRAND, J.K.; KRIESE, L.A. Two methods for parameter estimation using multiple-trait models and beef cattle field data. *Journal of Animal Science*, Champaign, v.68, n.8, p.2310-2318, 1990.
- FREITAS, A.R. de. *Comparação de métodos de estimação de componentes de variâncias e parâmetros afins de múltiplos caracteres em bovinos*. Piracicaba: ESALQ/USP, 1991. 170p. Tese de Doutorado.
- HENDERSON, C.R. *Applications of linear models in animal breeding*. Ontario: University of Guelph, 1984. 426p.
- HENDERSON, C.R. *Estimation of variance and covariance components*. *Biometrics*, Washington, v.4., n.2, p.226-252, 1953.
- HUDSON, G.F.S.; VAN VLECK, L.D. Estimation of components of variance by Method 3 and Henderson's New method. *Journal of Dairy Science*, v.65, n.3, p.435-441, 1982.
- KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K.; KENYSHEK, L.L. Age adjustment factors, heritabilities and genetic correlations for scrotal circumference and related growth traits in Hereford and Brangus bulls. *Journal of Animal Science*, Champaign, v.69, n.2, p.478-489, 1991a.
- KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Genetic and environmental growth trait parameter estimates for Brahman and Brahman-derivative cattle. *Journal of Animal Science*, Champaign, v.69, n.6, p.2362-2370, 1991b.
- OUWELTJES, W.; SCHAEFFER, L.R.; KENNEDY, B.W. Sensitivity of methods of variance component estimation to culling type of selection. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.71, n.3, p.723-729, 1988.
- SEBER, G.A.F. *Linear regression analysis*. London: John Wiley & Sons, 1977. 465p.
- VAN RADEN, P.M.; JUNG, Y.C. A general purpose approximation to restricted maximum likelihood: The Tilde-Hat approach. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.71, n.1, p.187-194, 1988.