

MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS AFINS DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS¹ E ROLAND VENCovsky²

O objetivo deste trabalho foi comparar os métodos de Máxima Verossimilhança (ML), Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Variância Quadrática Mínima ^{Viesada} (MIVQUEo), quanto aos aspectos computacionais das estimativas de variâncias genéticas (g_{ii}), residuais (r_{ii}) e de outros parâmetros genéticos na análise univariada do peso à desmama (Y_1) e aos doze meses de idade (Y_2) em bovinos. Os resultados foram comparados aos obtidos pelo método 3 de HENDERSON (H3), tradicionalmente utilizado no Brasil. Os métodos da ML e da REML convergiram com o mesmo número de iterações, entretanto, o REML foi mais exigente computacionalmente. As estimativas de herdabilidade (h^2) obtidas de MIVQUEo, H3, ML e REML, levando-se em conta a correlação entre meio-irmãos paternos, foram, respectivamente, de $0,49 \pm 0,11$, $0,66 \pm 0,13$, $0,74 \pm 0,15$ e $0,78 \pm 0,16$ para Y_1 e, $0,28 \pm 0,11$, $0,39 \pm 0,10$, $0,38 \pm 0,10$ e $0,43 \pm 0,14$ para Y_2 . As correlações ambientais (r_E) obtidas por MIVQUEo, H3, ML e REML foram $0,62$, $0,51$, $0,34$ e $0,29$. Como as variâncias residuais foram as mesmas ($\hat{r}_{ii} = 0,68$), esta ordem decrescente nos valores do \hat{r}_E , mostrou que MIVQUEo e H3 subestimam os valores de g_{ii} e r_{ii} quando comparados com os métodos da ML e REML.

1 - EMBRAPA/UEPAE de São Carlos, SP

2 - ESALQ/USP, Piracicaba, SP