

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

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS<sup>1</sup> E ROLAND VENCOSKY<sup>2</sup>

O trabalho objetivou comparar os métodos de Máxima Verossimilhança (ML), Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e um método iterativo de HENDERSON (IHSM), para obtenção de estimativas de variâncias genéticas ( $g_{ii}$ ), residuais ( $r_{ii}$ ) e parâmetros genéticos afins, para os pesos à desmama ( $Y_1$ ) e aos doze meses de idade ( $Y_2$ ) em bovinos, em um modelo multivariado e com a inclusão da matriz de parentesco entre touros. Os resultados foram ainda comparados aos obtidos pelo método 3 de HENDERSON (H3). IHSM, ML e REML convergiram com 13, 40 e 40 iterações, respectivamente, havendo maior rapidez de convergência das estimativas de correlações genéticas ( $r_g$ ) e de herdabilidades ( $h^2$ ) em relação às estimativas de variâncias e covariâncias. Os valores de  $h^2$ , obtidos por IHSM, ML e REML foram  $0,80 \pm 0,15$ ,  $0,72 \pm 0,15$  e  $0,69 \pm 0,14$  para  $Y_1$  e,  $0,48 \pm 0,12$ ,  $0,39 \pm 0,11$  e  $0,37 \pm 0,10$  para  $Y_2$ , respectivamente. O método IHSM proporcionou valores maiores para  $g_{ii}$  e  $r_{ii}$ , comparado com os métodos ML e REML; entretanto, suas boas propriedades e facilidades de uso, justificam investigações adicionais. Comparando com os métodos multivariados, H3 subestimou os valores de  $g_{ii}$  e  $r_{ii}$ , indicando que deficiências associadas a este, tais como, o não controle de vícios devidos à seleção, impossibilidade de uso de caracteres múltiplos e do parentesco entre touros, limitam seu uso no melhoramento animal. Os métodos ML e REML proporcionaram resultados semelhantes dando confiabilidade às estimativas de variâncias e covariâncias.

1 - EMBRAPA/UEPAE de São Carlos, SP

2 - ESALQ/USP, Piracicaba, SP