

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

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS¹ E ROLAND VENCOSKY²

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