

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**HETEROGENEIDADE ENTRE ESTRUTURAS DE
MATRIZES DE (CO)VARIÂNCIAS**

Autor: Alexandra Inês dos Santos
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins
Co-Orientadora: Prof^a Dr^a Eliane Gasparino

"Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE em ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Área de Concentração Produção Animal"

MARINGÁ
Estado do Paraná
junho – 2006

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**HETEROGENEIDADE ENTRE ESTRUTURAS DE
MATRIZES DE (CO)VARIÂNCIAS**

Autor: Alexandra Inês dos Santos
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins
Co-Orientadora: Prof^a Dr^a Eliane Gasparino

"Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE em ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Área de Concentração Produção Animal"

MARINGÁ
Estado do Paraná
junho – 2006

“A única função da ciência é aliviar a miséria da existência humana”

Bertould Brecht

Aos meus pais **Nabor dos Santos** e **M^a Angélica dos Santos**, por todo amor, carinho e dedicação incondicionais e pelo imenso apoio e estímulo para o andamento dos meus estudos e em todos os momentos da minha vida. Ao grande amigo Fernando Morete Gonçalves, que preencheu de poesia meus dias desta temporada.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual de Maringá (UEM), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Professor Dr. **Elias Nunes Martins**, pela dedicada orientação, pela incrível paciência durante o longo tempo de convívio, pelo exemplo de um admirável profissional, pelo incentivo, principalmente nos momentos mais difíceis, e pela amizade.

Ao professor Dr. **Eduardo Shiguero Sakaguti**, pelo tempo de orientação, pelos valiosos ensinamentos, ajuda e amizade.

À professora Dr^a **Eliane Gasparino**, pela co-orientação, pelos incentivos, conselhos e amizade.

À **Ana Carolina Müller Conti** que cedeu gentilmente seus dados para a realização deste trabalho.

Ao amigo **Carlos Antonio Lopes de Oliveira**, pelo enorme tempo despendido para o auxílio na realização deste trabalho, pela amizade, pelos valiosos conselhos, e

pelo privilégio de ter conhecido este exemplo de grande homem, munindo minha esperança de construção de um mundo mais justo.

Às amigas da pós-graduação **Daniela Andressa Lino** e **Meiby Carneiro de Paula** pelo companheirismo, amizade e por toda ajuda e apoio.

Aos amigos que trabalharam comigo, **Alexandre Leseur dos Santos**, **Ana Paula Ton**, **Ana Carolina Müller Conti**, **Emília de Paiva**, **Fabiana Martins Costa** e **Priscilla Georg**, pela troca de informações, pelos momentos agradáveis que passamos juntos e amizade.

A todos os amigos que indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, por tornarem esse período mais agradável. Aos grandes companheiros **Carlos Eduardo**, **João** e **Marcia**, **Cathiane**, **Juliana**, **Paula**, **Natali**, **Natanael**, **Rogério**, **Lucivaldo** e **Lara**, **Arnaldo** e **Graziela**, **Alan** e **Tatiane**, **Fabiana**, **Viviane**, pela amizade e troca de experiências de vida.

Ao meu tio **Geraldo Tadeu dos Santos**, faço um agradecimento especial, pelo constante incentivo, pelos conselhos, ajuda e amizade.

Aos meus queridos irmãos, **Rodrigo Nereu dos Santos**, **Rafael dos Santos** e **Victoria Gomes dos Santos**, por todo amor, amizade e carinho. À minha querida madrastra, **Rosimeri Gomes**, que sempre foi uma grande amiga para mim.

Aos meus pais **Nabor dos Santos** e **M^a Angélica dos Santos**, pela minha vida, por todo amor, valores, educação, e pelo exemplo de luta e coragem perante as dificuldades, ensinando que a vida tem sempre algo a nos ensinar e que vale a pena se lutarmos por nossos sonhos.

Muito Obrigada!!!

BIOGRAFIA DO AUTOR

Alexandra Inês dos Santos, filha de Nabor dos Santos e M^a Angélica dos Santos, nasceu na cidade de Tubarão, Santa Catarina, no dia 30 de abril de 1980.

Em março de 1998, ingressou no Curso de Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá, em Maringá, Paraná, havendo participado do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica – PIBIC/CNPq-UEM, sendo orientada pelo Prof. Dr. Elias Nunes Martins durante três anos. Concluiu o curso no ano letivo de 2002 e a colação de grau para a obtenção do título de Zootecnista foi realizada em julho de 2003.

Em março de 2004, ingressou no curso de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de mestrado, área de concentração em Produção Animal, na Universidade Estadual de Maringá, realizando pesquisas na área de Melhoramento Genético Animal. Foi inicialmente orientada pelo Prof. Dr. Eduardo Shiguero Sakaguti, que se ausentou das atividades, jazendo sob a orientação do Prof. Dr. Elias Nunes Martins, para se habilitar ao Título de Mestre em Zootecnia.

Em junho de 2006, submeteu-se aos exames finais de defesa de dissertação.

ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS.....	viii
LISTA DE FIGURAS.....	x
RESUMO.....	xii
ABSTRACT.....	xiv
INTRODUÇÃO GERAL E REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	1
REFERÊNCIAS.....	10
HETEROGENEIDADE ENTRE ESTRUTURAS DE COVARIÂNCIA	14
RESUMO.....	14
ABSTRACT.....	16
INTRODUÇÃO.....	18
MATERIAL E MÉTODOS.....	20
1 - Avaliação de diferenças entre os componentes de (co)variância individualmente	26
1.1 – Heterogeneidade entre ambientes.....	27
1.2 - Heterogeneidade entre linhagens.....	27
2 - Métodos que contemplam estruturas multivariadas.....	28
2.1 - Logaritmo da razão de determinantes.....	28
2.2 - Componentes principais.....	29
2.3 - Aproximação de χ^2 M-Box.....	30
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	31
1 - Avaliação de diferenças entre os componentes de (co)variância individualmente.....	31
1.1 – Heterogeneidade entre ambientes.....	31

a) Linhagem 1.....	32
a) Linhagem 2.....	32
a) Linhagem 3.....	32
1.2 - Heterogeneidade entre linhagens.....	33
2 - Métodos que contemplam estruturas multivariadas.....	35
2.1 - Logaritmo da razão de determinantes.....	35
2.1.1 – Heterogeneidade entre ambientes.....	35
a) Linhagem 1.....	37
a) Linhagem 2.....	37
a) Linhagem 3.....	37
2.1.2 – Heterogeneidade entre linhagens.....	38
2.2 - Componentes Principais.....	39
2.2.1 - Heterogeneidade entre ambientes.....	40
2.2.2 - Heterogeneidade entre linhagens.....	44
2.3 - Critério M-Box.....	47
CONCLUSÕES.....	48
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	49

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Composição química e energética das rações experimentais	20
Tabela 2 - Composição percentual das rações experimentais.....	20
Tabela 3 - Valores de diferença média percentual entre variâncias dos ambientes de alta (<u>a</u>) e baixa (<u>b</u>) energia, em relação ao ambiente de alta energia, para as linhagens 1, 2 e 3.....	33
Tabela 4 - Probabilidade de coincidência entre as distribuições posteriores dos componentes de (co)variância das linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3.....	34
Tabela 5 - Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, das diferenças na estrutura de (co)variância entre condição de alta (<u>a</u>) e baixa (<u>b</u>) energia fornecida na dieta, com base no logaritmo da razão de determinantes para as linhagens 1, 2 e 3.....	35
Tabela 6 - Média e freqüência das diferenças na estrutura de (co)variância entre condição de alta (<u>a</u>) e baixa (<u>b</u>) energia fornecida na ração, para as linhagens 1, 2 e 3.....	35
Tabela 7 - Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, das diferenças na estrutura de (co)variância entre as linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3 com base no logaritmo da razão de determinantes.....	38
Tabela 8 - Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, para as diferenças nas estruturas de (co)variância genéticas e residuais dos componentes principais nos ambientes de alta (<u>a</u>) e baixa (<u>b</u>) energia fornecida na dieta, para as	

linhagens 1, 2 e 3.....	42
Tabela 9 - Média e frequência das diferenças entre os componentes principais nas condições de alta (<u>a</u>) e baixa (<u>b</u>) energia fornecida na dieta, para as linhagens 1, 2 e 3.....	42
Tabela 10 - Autovetores e participações do primeiro componente principal (CP1) e acumulada do segundo (CP1+CP2), na variação total dos parâmetros, para os ambientes de alta (<u>a</u>) e baixa (<u>b</u>) energia fornecida na dieta, para as linhagens 1, 2 e 3.....	43
Tabela 11 - Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, para as diferenças nas estruturas de (co)variância genéticas e residuais dos componentes principais nas comparações entre as linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3.....	44
Tabela 12 - Média e frequência das diferenças entre os componentes principais nas comparações entre as linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3.....	44
Tabela 13 - Autovetores e participações do primeiro componente principal (CP1) e acumulada do segundo (CP1+CP2), na variação total dos parâmetros, para as linhagens 1, 2 e 3.....	46

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância genética da linhagem 1.....	36
Figura 2 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância residual da linhagem 1.....	36
Figura 3 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância genética da linhagem 2.....	36
Figura 4 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância residual da linhagem 2.....	36
Figura 5 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância genética da linhagem 3.....	36
Figura 6 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância residual da linhagem 3.....	36
Figura 7 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 1.....	41
Figura 8 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos	

componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 1.....	41
Figura 9 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 2.....	41
Figura 10 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 2.....	41
Figura 11 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 3.....	41
Figura 12 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 3.....	41
Figura 13 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 2.....	45
Figura 14 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 2.....	45
Figura 15 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 3.....	45
Figura 16 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 3.....	45
Figura 17 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 2 e 3.....	45
Figura 18 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 2 e 3.....	45

RESUMO

A avaliação da existência de heterogeneidade de variâncias pode ser feita individualmente, para cada componente de variância. Entretanto, quando os componentes estimados são correlacionados, a presença de heterocedasticidade deve ser então avaliada pela aplicação de um método que verifique diferenças na estrutura de (co)variâncias por inteira. Para se testar a existência de heterogeneidade de variâncias genética e residual em estruturas multivariadas, foram utilizadas três metodologias, em que as matrizes em cada fonte de heterogeneidade foram confrontadas pelo logaritmo da razão entre os seus determinantes e pela análise de componentes principais. Também foi realizada uma avaliação de mudança entre as estruturas por meio de procedimentos freqüentistas. A aplicação dessas metodologias foi feita sobre as matrizes de (co)variância genética e residual dos parâmetros A , B e K das curvas de crescimento Von Bertalanffy, ajustada para codornas de três diferentes linhagens, alimentadas com dois níveis de energia na dieta. Realizaram-se estimações dos componentes de (co)variância por meio de procedimentos Bayesianos, usando o modelo animal. Essas análises foram realizadas de modo que, para considerar a heterogeneidade entre linhagens, foi realizada uma análise tricaracter, envolvendo os parâmetros A , B e K como características, para cada linhagem. Supondo heterogeneidade entre ambientes, os parâmetros A , B e K foram tratados como características distintas em cada ambiente, sendo realizada uma análise hexacaracter para cada linhagem. Para a matriz de correlações fenotípicas desses parâmetros, foram obtidos os componentes principais. Os valores dos coeficientes do

primeiro componente principal, nos dois ambientes ou nas linhagens, duas a duas, foram combinados com as variáveis originais e, em nova análise bicaracter, resultaram em amostras dos componentes de (co)variância deste conjunto de variáveis transformadas. Como o primeiro componente principal não acumulou variância suficiente, este resultado dificultou na detecção da heterocedasticidade. Também houve problema com a aplicação do logaritmo da razão entre determinantes para algumas amostras devido à ocorrência de mau condicionamento para as matrizes de (co)variância. A metodologia freqüentista utilizada, dada pelo critério M-Box, não foi capaz de detectar a presença de heterogeneidade entre as estruturas de (co)variância. As distribuições dos valores dos logaritmos da razão de determinantes indicaram a existência unicamente de heterogeneidade nas estruturas de (co)variância residuais, enquanto que a avaliação por meio das diferenças entre as variáveis transformadas da análise de componentes principais indicou divergência entre estruturas de (co)variância tanto genética como residual. Embora o primeiro componente principal não tenha sido de grande magnitude, sua utilização pareceu mais capaz de detectar a presença de heterogeneidade nas estruturas de (co)variância.

ABSTRACT

The evaluation about the existence of variance heterogeneity can be done individually for each variance component. However, when the estimated components are correlated, the presence of heterocedasticity must be evaluated by the application of a method which verifies differences in the whole (co)variance structure. To test the existence of heterogeneity of genetic and residual variance in multivariate structures, three methodologies were used for comparison of (co)variance structures, in which the matrices in each source of heterogeneity were confronted by the natural logarithm of the ratio between their determinants and by analysis of the principal components. An evaluation of change among structures by frequentist procedures was also carried out. This methodologies were applied to matrices of genetic and residual (co)variance of the parameters A , B and K of Von Bertalanffy's growth curves, adjusted for quails of three different strains, fed with two different energy dietary levels. Estimations of (co)variance components were made through Bayesian procedures, using the animal model. These analysis were made in a way that, to take into account the heterogeneity between strains, tricaracter analyses were made involving the parameters A , B and K , for each strain. Supposing heterogeneity between environments, the parameters A , B and K were considered distinct characteristics in each environment, yielding an hexacaracter analysis for each strain. For the matrix of phenotypic correlations of those parameters, the principal components were obtained. The coefficient values of the first principal component, in two environments or in each two strains, were combined with the original variables and, in a new bicaracter analysis, resulted in

samples of the (co)variance components of this set of transformed variables. As the first principal component did not accumulate enough variance, this result made the heterocedasticity detection difficult. There was also a problem with the application of the logarithm of the ratio between determinants for some samples because of ill conditioned matrices. The frequentist methodology, given by the M-Box criterion, was not capable of detecting the presence of heterogeneity among the (co)variance structures. The distribution of the logarithm values of the ratio between determinants indicated heterogeneity only in residual (co)variance structures, while the evaluation through the differences among the transformed variables of the principal components indicated both genetic and residual (co)variance structure divergence. Although the first principal component has not accumulated enough variation, its utilization seemed more capable of detecting the presence of heterogeneity in (co)variance structures.

INTRODUÇÃO GERAL E REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A obtenção de maior progresso genético em uma população depende da correta avaliação genética dos animais e que, por sua vez, depende da eliminação tanto quanto possível de diferenças não genéticas entre os animais.

Assim, na avaliação genética, as observações da característica de interesse devem ser corrigidas para os efeitos fixos de ambiente e ponderadas para a estrutura de (co)variâncias. Adicionalmente, as pressuposições acerca das estruturas de (co)variâncias afetam tanto as ponderações, como a própria estimação dos efeitos fixos de ambiente, influenciando, portanto, direta e indiretamente na precisão da avaliação e na resposta de seleção.

A despeito disso, um problema já bastante conhecido que afeta o processo de avaliação genética é a utilização de conjunto de dados com observações de animais provenientes de diferentes condições de alimentação, manejo, grupos genéticos, etc; os quais possuem variâncias genéticas e ambientais distintas.

Atualmente, a maioria dos sistemas de avaliação genética utilizados ainda assumem homogeneidade de variâncias para todos os ambientes. Entretanto, vários autores (Cavalheiro et al., 2000; Gianola et al., 1992; Marion et al., 2001; Teixeira et al., 2002; Torres et al., 2000) têm alertado para o risco de sério viés na identificação dos animais geneticamente superiores, com perda na resposta de seleção, quando as estimativas dos componentes de variância contrariam a suposição de homogeneidade mascarando a avaliação genética.

A heterocedasticidade pode existir entre variâncias genéticas, entre variâncias residuais ou entre ambas. Segundo Martins (2002), quando a fonte de heterogeneidade não afeta as diferenças entre genótipos, mas sim a magnitude dos resíduos (heterogeneidade de variâncias residuais), sua causa pode ser diferenças de padronização de manejo ou diferenças na precisão de coleta de dados. Na situação em que a fonte de heterogeneidade de variância afeta a magnitude das diferenças entre os genótipos mas não afeta a magnitude dos resíduos (heterogeneidade de variância genética), a causa da heterogeneidade pode ser a diferença na constituição genética da população, causada pela seleção ao longo das gerações, por cruzamentos visando a formação de novas populações, por diferenças na intensidade de seleção aplicada a cada rebanho ou pela interação genótipo x ambiente.

A maioria das literaturas disponíveis abordam os efeitos da heterogeneidade em análises para avaliações genéticas em gado de leite e de corte. Os efeitos da violação dessa pressuposição em análises para aves não são facilmente encontrados.

Em se tratando de bovinos de leite, De VEER & Van VLECK (1987) encontraram heterogeneidade de variâncias de reprodutor e residual para produção de leite na primeira lactação, quando dividiram os rebanhos em níveis de produção baixo, médio e alto. Também observaram valores crescentes dos componentes de variância com o aumento do nível de produção.

Torres et al. (2000) avaliaram bovinos da raça Holandesa estratificados segundo seus desvios-padrão e encontraram componentes de variância genética, residual e fenotípica crescentes da classe de baixo para a de alto desvio-padrão. Esses autores encontraram evidências da existência de heterogeneidade de variância, principalmente de natureza não-genética, envolvendo mais rebanhos de baixo desvio-padrão fenotípico e provavelmente de baixa média de produção.

Araújo et al. (2002) classificaram rebanhos de gado Pardo-Suíço em níveis alto e baixo de produção de leite e gordura, e verificaram também a presença de heterogeneidade de variância para a produção de leite principalmente de natureza não-genética, afetando, sobretudo, rebanhos de menores produções. Para a produção de gordura, as evidências indicaram fontes de heterogeneidade de variância resultantes, além de fatores ambientais, também de fatores genéticos.

Em gado de corte, Engler (2002) encontrou heterogeneidade de variâncias genéticas e residuais entre as seis gerações estudadas, para as características peso aos 365 e 550 dias de idade, em animais da raça Canchim.

Oliveira et al. (2000) verificaram a ocorrência de variâncias residuais heterogêneas entre os grupos genéticos $\frac{1}{2}$ Charolês-Zebu e $\frac{3}{4}$ Zebu-Charolês e o grupo genético $\frac{5}{8}$ Charolês-Zebu.

Se a causa da heterogeneidade for a interação genótipo x ambiente, então as diferenças na capacidade adaptativa alteram o desempenho dos animais e, por conseguinte, o mérito relativo de seus genótipos de acordo com o ambiente no qual estão sendo criados. Dependendo da magnitude da diferença entre os ambientes, essa interação pode ser tal que reduza a efetividade dos procedimentos de avaliação e seleção convencionais por alterar a classificação dos animais.

Estudos da importância da interação entre genótipo e ambiente têm sido realizados por diversos autores, entre eles, Costa et al. (2002), Falcão (2003), De Paula (2006), que avaliaram o desempenho de vacas leiteiras em diferentes países, estados e regiões respectivamente; Mascioli et al. (2000), que analisaram características de peso da raça Canchim para animais nascidos em diferentes épocas do ano; e Simonelli (2004), que investigou o desempenho de animais Nelore em diferentes regiões.

Os trabalhos que podem ser encontrados a respeito dos efeitos da heterogeneidade de variâncias em aves têm revelado similares fontes de variância heterogêneas, causando também significativo impacto na resposta de seleção.

Para verificar o efeito da heterogeneidade de variância na seleção de aves, Friedrich et al. (2004) compararam dados preditos e simulados e observaram que a presença de heterogeneidade causou grande mudança na ordem de classificação, para a característica de peso aos 45 dias de idade.

Ao comparar estimativas de parâmetros genéticos para produção de ovos e para peso do ovo entre galinhas de postura testadas em gaiolas individuais e coletivas, Nurgartningsih et al. (2002) verificaram diferenças entre as estimativas de herdabilidade possivelmente devido à redução da variabilidade em gaiolas coletivas.

Mathur & Horst (1994) conduziram um estudo para avaliar a influência de condições de ambiente temperado e tropical sobre a avaliação genética de reprodutores de galinhas de postura. Nos resultados houve diferença nas reações de desempenho entre os ambientes, que foram atribuídas à interação genótipo x ambiente. Os autores observaram que as interações foram menores para peso corporal e peso do ovo e maiores para o número de ovos, massa do ovo e eficiência de produção e concluíram que a magnitude dessas interações varia de acordo com as diferenças entre os ambientes e com a natureza biológica das características (alta ou baixa herdabilidade).

Praharaj et al. (1996), trabalhando com aves resultantes do acasalamento entre populações de White Plymouth Rock e de White Leghorn, encontraram significativa interação entre regime de alimentação (em dias alternados e *ad libitum*) e família de reprodutor para peso corporal aos 21 dias, mas não aos 7, 35 ou 45 dias de idade, sugerindo

que esses resultados fossem devido a diferenças em funções fisiológicas dos genes entre os regimes de alimentação, que são dependentes de idade.

Avaliando a interação genótipo x ambiente em taxa de crescimento e tolerância ao calor no desempenho de frangos de corte comerciais, Settar et al. (1998) encontraram efeito substancial das diferenças climáticas entre as estações do ano no crescimento das aves. Essas interações indicaram a presença de variação genética para a tolerância ao calor, sendo esta variação relacionada ao potencial de crescimento, tal que genótipos que ganham mais peso na primavera tendem a ganhar menos peso sob as elevadas temperaturas de verão.

Em um trabalho realizado com codornas do programa de desenvolvimento de linhagens da Universidade Estadual de Maringá, Ton et al. (2004) encontraram evidências da existência da interação genótipo x ambiente em aves de três linhagens de postura, quando alimentadas com rações de alta e baixa densidade de energia.

Em experimento com codornas de corte, Silva et al. (2004) encontraram resultados evidenciando interações entre grupos genéticos, dietas e períodos experimentais para as características ganho de peso, peso acumulado, consumo de ração e conversão alimentar.

Diversos autores (Gianola et al., 1992; Costa et al., 2000; Martins, 2000; Rekaya et al., 2003) têm recomendado a utilização de modelos que pressupõem e contemplam a heterogeneidade de variâncias na estimação dos efeitos fixos e aleatórios, principalmente se a interação genótipo x ambiente estiver presente.

Para a avaliação genética pressupondo heterogeneidade, pode-se considerar o desempenho dos animais em cada classe como uma característica diferente e utilizar a teoria multicaracter.

Um óbvio problema com análises multicaracter é o potencial grande número de parâmetros que precisam ser estimados e interpretados. Além disso, para se formar uma

classe de heterogeneidade adicional, que justifique adicional grau de parametrização e complexidade computacional, deve-se identificar se as classes diferem consideravelmente em variância. Por isso, é pertinente o estabelecimento de um método de fácil aplicação que identifique a presença de heterogeneidade de variâncias.

Haja visto os trabalhos citados anteriormente, do mesmo modo que são estimados os valores genéticos, a estratégia preferencial para a identificação das classes de heterogeneidade tem sido considerar o desempenho em diferentes ambientes como diferentes caracteres com correlações genéticas entre eles. Quando a correlação genética for baixa, estará identificada a nova classe a ser contemplada na avaliação genética. Assim, a avaliação da existência de heterogeneidade de variâncias é realizada individualmente, para cada componente de variância.

Na avaliação genética em modelos de regressão aleatória, ou no caso em que as características são parâmetros de curvas de lactação ou curvas de crescimento, ou mesmo quando o interesse é a seleção simultânea para mais de uma característica, os componentes de variância a serem estimados serão correlacionados. Em tais contextos, a avaliação do impacto da heterogeneidade de variâncias e covariâncias na predição dos valores genéticos é conveniente.

Segundo Gianola et al. (1992), quando há heterogeneidade de variância, certamente também deve haver heterogeneidade de covariância, além disso, o impacto desta no progresso genético esperado e na identificação dos indivíduos-elite pode ser mais sutil e mais vigoroso que no caso univariado.

Assim sendo, quando se deseja avaliar a existência de diferenças entre estruturas multivariadas, a análise de cada componente separadamente pode não ser adequada. Neste

caso, pode haver a necessidade de comparar-se a estrutura de (co)variâncias por inteiro, nas diferentes classes.

A preocupação com a homocedasticidade multivariada já estava presente entre os estatísticos desde 1928, evidenciada pelo início de uma série de trabalhos de Neyman & Pearson propondo o método de razão de verossimilhança (substituindo o estimador de máxima verossimilhança) para testar uma variedade de hipóteses na inferência estatística, dentre as quais a de igualdade de variâncias e covariâncias (Wilks, 1932). Desde então, confrontando-se com a comparação de amostras de matrizes de covariância, a maioria dos estatísticos têm recorrido a esse teste ou a testes baseados nele (Anderson, 1958; Press, 1982; Diniz et al., 2004).

Bryan & Rayner. (1987) propuseram o particionamento do teste de razão de verossimilhança em três componentes com o intuito de ser mais informativo, refletindo diferenças entre as matrizes de (co)variâncias devido a matrizes proporcionais; mudanças nas variâncias, ou mudanças nas correlações. O teste foi aplicado para verificar diferenças em oito medidas morfológicas de aves inglesas entre sobreviventes e não-sobreviventes de uma severa tempestade, para assim prover um teste da teoria da seleção natural de Darwin. Quando as diferenças entre sobreviventes e não-sobreviventes foram testadas simplesmente por análises de variância, nenhuma das oito variáveis apresentaram diferenças significativas, porém, seguindo o procedimento do teste multivariado, eles encontraram diferentes correlações entre as matrizes de covariância para sobreviventes e não-sobreviventes.

Ainda segundo estes últimos autores, a única reserva que precisa ser feita sobre o uso do método de razão de verossimilhança é a sua conhecida sensibilidade à não-

normalidade dos dados. Por este motivo, Press (1982) ressalta que o teste tem resultados apenas aproximados, sendo necessário confiar em resultados assintóticos.

Em uma discussão sobre a abordagem freqüentista e bayesiana na inferência científica em melhoramento animal, Blasco (2001) comenta que o princípio de máxima verossimilhança (no qual é baseado o método de razão de verossimilhança) tem boas propriedades freqüentistas, mas apenas assintoticamente. Por outro lado, fazendo uso de métodos de cadeia Markov de Monte Carlo (MCMC) para a amostragem de Gibbs e obtenção das distribuições posteriores marginais na inferência Bayesiana, não há necessidade de qualquer aproximação ou das suposições de normalidade comumente utilizadas.

Segundo Van Tassel & Van Vleck (1996), com a normalidade e sem fazer o uso de distribuições a priori informativas (utilizando “flat prior”) a distribuição posterior é a verossimilhança dos parâmetros. Então, a amostragem de Gibbs pode ser aplicada caracterizando ambas a distribuição posterior na inferência Bayesiana e a função de verossimilhança na inferência freqüentista.

Porém, o método MCMC trata todos os parâmetros (incluindo os componentes de variância) como variáveis aleatórias, conforme o conceito de probabilidade, pelo qual quantifica a incerteza existente sobre eles. Assim, uma vez que a obtenção das distribuições posteriores dos parâmetros de interesse expressa a incerteza sobre esses parâmetros, é razoável basear as conclusões com essa metodologia (Nogueira, 2003).

Assim sendo, este estudo objetivou a aplicação de métodos que permitam a verificação da existência de heterogeneidade entre amostras de estruturas de (co)variâncias estimadas por procedimentos Bayesianos.

REFERÊNCIAS

- ANDERSON, T.W. **An introduction to multivariate statistical analysis**. New York: John Wiley & Sons, Inc., 1958. 374p.
- ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; RENNÓ, F.P. et al. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de reprodutores da raça Pardo-Suíça no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3 (suplemento), p.1343-1349, 2002.
- BALIEIRO, J.C.C.; LOPES, P.S.; ELER, J.P. et al. Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: I. Análises de unicaracterística para ganho de peso em escala original e transformadas. In: V SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2004, Pirassununga. Anais... Pirassununga: SBMA, 2004.
- BLASCO, A. The bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2023-2046, 2001.
- BOX, G. E. P. A general distribution theory for a class of likelihood criteria. **Biometrika**, v. 36, n.3/4, p.317-346, 1949.
- BRYAN, F.J.M.; RAYNER, J.C.W. The comparison of sample covariance matrices using likelihood ratio tests. **Biometrika**, v. 74, n.4, p.841-847, 1987.
- CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte: estudo de simulação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., 2000, Viçosa. Anais... Viçosa: SBZ, 2000.
- CONTI, A.C.M. **Componentes de (CO)Variância dos Parâmetros da Curva de Crescimento de Codornas de Postura**. Maringá, PR: UEM, 2004. 13p. MONOGRAFIA (Graduação em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2004.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A. genetic analysis of holstein cattle populations in brazil and the united states. **Journal Of Dairy Science**, v.83, p.2963-2974, 2000.

- DE PAULA, M.C. **Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo x ambiente para produção de leite em bovinos da raça holandesa no Estado do Paraná.** 2006. 68p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, PR, 2006.
- DE VEER, J.C.; Van VLECK, L.D. Genetics parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. **Journal of Dairy Science**, v.70, p.1434-1441, 1987.
- DINIZ, C.A.R.; MAZUCHELI, J.; RENAN, C. Power of Two Tests for the Homogeneity of Covariance Matrices. **Rev. Mat. Est. São Paulo** v. 20, p.001-020, 2004.
- ENGLER, E.O. **Heterogeneidade de variâncias entre gerações para peso aos 365 e 550 dias de idade para animais da raça Canchim.** 2002. 51p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2002.
- FALCÃO, A.J.S. **Heterodasticidade entre os estados para a produção de leite na raça holandesa, via métodos REML e Bayesiano,** 2003. 120p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2003.
- FRIDRICH, A.B.; ALMEIDA E SILVA, M.; VENTURA, R.V. et al. Influência da heterogeneidade de variância na classificação de aves utilizando dados simulados. In: V SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2004, Pirassununga. Anais... Pirassununga: SBMA, 2004.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M.(Ed.) **Bayesian Statistics 4.** Oxford: University Press, 1992. p.625-631.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L.; FERNANDO, R.L. et al. Estimation of Heterogeneous Variances Using Empirical Bayes Methods: Theoretical Considerations. **Journal of Dairy Science**, v.75, p.2805-2823, 1992.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Landing, v.31, n.6, p.1109-1144, 1983.
- JENSEN, J.L. A large deviation-type approximation for the “box class” of likelihood ratio criteria. **Journal of the American Statistical Association**, v.86, n.414, p.437-440, 1991.
- MAGNABOSCO, C.U. **Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem de gibbs.** 1997. 83p. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo. Ribeirão Preto, SP, 1997.
- MARION, A.E.; RORATO, P.R.N.; FERREIRA, G.B. et al. Estudo da heterogeneidade de variâncias para as características produtivas de rebanhos da raça Holandesa no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1995-2001, 2001.
- MARTINS, E.N. Avaliação Genética e Heterogeneidade de Variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife-PB. Anais... Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2002]. CD-ROM. Melhoramento genético animal.
- MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FRIES, L.A. Componentes principais para características de crescimento em bovinos da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL

- DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora. Anais... Juiz de Fora: SBZ, 1997. p. 168-170.
- MATHUR, P.K.; HORST, P. Genotype by environmental interactions in laying hens based on relationship between breeding values of sires in temperate and tropical environments. **Poultry Science**, v.73, p.1777 - 1784, 1994.
- NOGUEIRA, D.A.; SÁFADI, T.; BEARZOTI, E.; BUENO FILHO, J.S.S. Análise clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciênc. Agrotec. Lavras**. Edição Especial, p.1614-1624, dez., 2003.
- NURGIARTININGSIH, V.; MIELENZ, N.; PREISINGER, R. et al. Genetic parameters for egg production and egg weight of laying hens housed in single and group cages. **Arch. Tierz., Dummerstorf**, v.45, n.5, p. 501-508, 2002.
- OLIVEIRA, C.A.L. **Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da raça Canchim**. 1999. 64p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 1999.
- OLIVEIRA, C.A.L. Avaliação da heterogeneidade de variâncias entre grupos genéticos, utilizando-se inferência bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., 2000, Viçosa. Anais... Viçosa: SBZ, 2000.
- PRAHARAJ, N.K.; GROSS, W.B.; DUNNINGTON, E.A.; SIEGEL, P.B. Feeding regimen by sire family interactions on growth, immunocompetence, and disease resistance in chickens. **Poultry Science**, v.75, p.821 - 827, 1996.
- PRESS, S.J. **Applied multivariate analysis: using bayesian and frequentist methods of inference**. Malabar, Florida: Robert E. Krieger Publishing Co., 1982.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M.(Ed.) **Bayesian Statistics 4**. Oxford: University Press, 1992. p.763-773.
- REKAYA, R.; WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. Application of a structural model for genetic covariances in international dairy sire evaluations. **Journal of Dairy Science**, v. 84, p.1525-1530, 2001.
- REKAYA, R.; WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.
- SAS INSTITUTE. SAS/STAT[®]. **User's guide: statistics, versão 8.1**. 4. ed., v.2, Cary: SAS Institute, 2000.
- SEARLE, S.R. **Matrix algebra for the biological sciences**. New York: John Wiley & Sons, Inc., 1966. 296p.
- SETTAR, P.; YALÇIN, S.; TÜRKMUT, L.; et al. Season by genotype interactions related to broiler growth rate and heat tolerance. **Poultry Science**, v.78, p.1353 - 1358, 1999.
- SIMONELLI, S.M. **Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo x ambiente no desempenho de animais nelore em diferentes regiões do estado do Mato Grosso do**

Sul. 2004. 118p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, PR, 2004.

TEIXEIRAN.M.; FREITAS, A.F.; FERREIRA, W.J. et al. Ajustamento para heterogeneidade de variância na produção de leite de vacas da raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.369-375, 2002.

TON, A.P.S.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. et al. Estimativa da Interação Genótipo X Ambiente na Produção de Ovos em Codornas de Postura. In: SIMPÓSIO INTERNAICONAL E I CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA, 2, 2004, Lavras, p.235, 2004.

TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N. et al. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1050-1059, 2000.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture Research Service, 1995. 86p.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple trait Gibbs Sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.

WILKS, S.S. Certain generalizations in the analysis of variance. **Biometrika**, v. 24, n.3/4, p.471-494, 1932.

Heterogeneidade entre Estruturas de (Co)Variâncias

RESUMO: A avaliação da existência de heterogeneidade de variâncias pode ser feita individualmente, para cada componente de variância. Entretanto, quando os componentes estimados são correlacionados, a presença de heterocedasticidade deve ser então avaliada pela aplicação de um método que verifique diferenças na estrutura de (co)variâncias por inteiro. Para se testar a existência de heterogeneidade de variâncias genética e residual em estruturas multivariadas, foram utilizadas três metodologias, em que as matrizes em cada fonte de heterogeneidade foram confrontadas pelo logaritmo da razão entre os seus determinantes e pela análise de componentes principais. Também foi realizada uma avaliação de mudança entre as estruturas por meio de procedimentos freqüentistas. A aplicação dessas metodologias foi feita sobre as matrizes de (co)variância genética e residual dos parâmetros A , B e K das curvas de crescimento Von Bertalanffy, ajustada para codornas de três diferentes linhagens, alimentadas com dois níveis de energia na dieta. Realizou-se estimações dos componentes de (co)variância por meio de procedimentos Bayesianos, usando o modelo animal. Essas análises foram realizadas de modo que, para considerar a heterogeneidade entre linhagens, foi realizada uma análise tricaracter, envolvendo os parâmetros A , B e K como características, para cada linhagem. Supondo heterogeneidade entre ambientes, os parâmetros A , B e K foram tratados como características distintas em cada ambiente, sendo realizada uma análise hexacaracter para cada linhagem. Para a matriz de correlações fenotípicas desses parâmetros, foram obtidos os componentes principais. Os valores dos coeficientes do primeiro componente principal, nos dois ambientes ou nas linhagens, duas a duas, foram combinados às variáveis originais e, em nova análise bicaracter, resultaram em amostras dos componentes de (co)variância deste conjunto de variáveis transformadas. Como o primeiro componente principal não acumulou variância suficiente, este resultado dificultou na detecção da heterocedasticidade. Também houve problema com a aplicação do logaritmo da razão entre determinantes para algumas amostras devido à ocorrência de mau condicionamento para as matrizes de (co)variância. A metodologia freqüentista utilizada, dada pelo critério M-Box, não foi

capaz de detectar a presença de heterogeneidade entre as estruturas de (co)variância. As distribuições dos valores dos logaritmos da razão de determinantes indicaram a existência unicamente de heterogeneidade nas estruturas de (co)variância residuais, enquanto que a avaliação por meio das diferenças entre as variáveis transformadas da análise de componentes principais indicou divergência entre estruturas de (co)variância tanto genética como residual. Embora o primeiro componente principal não tenha sido de grande magnitude, sua utilização pareceu mais capaz de detectar a presença de heterogeneidade nas estruturas de (co)variância.

Palavras-chave: componente principal, determinante, estrutura multivariada, heterogeneidade de variância, inferência Bayesiana

Heterogeneity of (Co)Variance Structures

ABSTRACT: The evaluation about the existence of variances heterogeneity can be done individually for each variance component. However, when the estimated components are correlated, the heterocedasticity existence must be evaluated by the application of a method which verifies the whole (co)variance structures difference. With the objective to evaluate the existence of the heterogeneity of genetic and residual variance in multivariate structures, methodologies were used for comparison of (co)variance structures, in that the matrices in each level of heterogeneity source were confronted by the natural logarithm of the reason among their determinants and by the principal component analysis. It has also been accomplished an evaluation of distinction among structures by frequentist procedures. This methodologies were applied in genetic and residual (co)variance structure of parameters A , B and K of Von Bertalanffy growth curves, adjusted for quails of three different strains, fed with two different levels of energy in the diet. Estimations of (co)variance components were realized through Bayesian procedures, using animal model. Considering heterogeneity between strains, tricaracter analysis were realized involving the parameters A , B and K , for each strain. Suposing heterogeneity between environments, the parameters A , B and K were considered distinct characteristics in each environment, with one hexacaracter analyse for each strain. For the phenotypic correlations matrice of those parameters were obtained the principal components. The first principal component values, in two environments, or in each two strains, were combined with the original variables and, in new bicaracter analysis, resulted in samples of the (co)variance components of this transformed variables set. How the first principal component can't acumulate enough variance, this result difficulted the heterocedasticity detection. There was other problem with the aplication of the logarithm of the reason among their determinants for some samples because of a problem of ill-conditioned matrices occurrence. The frequentist methodology, gave by M-Box criterion, wasn't capable to detect heterogeneity presence in (co)variance structure. The logarithm of the reason among determinants values distribution indicated heterogeneity only in residual (co)variance structure, the other hand, the

principal component analyse could indicate both genetic and residual (co)variance structure divergence. Although, the first principal component has not accumulated enough variation, its utilization feels more capable to detect the presence of heterogeneity in (co)variance structures.

Key Words: Bayesian inference, determinant, heterogeneity of variance, multivariate structure, principal component

Introdução

Um problema já bastante conhecido no processo de avaliação genética de gado de leite e de corte é a utilização de conjunto de dados com observações de animais provenientes de diferentes condições de alimentação, manejo, grupos genéticos, etc, os quais possuem variâncias genéticas e ambientais distintas.

Vários autores (Gianola et al., 1992; Martins, 2000; Rekaya et al., 2003) têm alertado para o risco de sério viés na identificação dos animais geneticamente superiores, com perda na resposta de seleção, quando as estimativas dos componentes de variância contrariam a suposição de homogeneidade. Por este motivo, a utilização de modelos que pressupõe e contemplam a heterogeneidade de variâncias na estimação dos efeitos fixos e aleatórios, principalmente se a interação genótipo x ambiente estiver presente, é recomendável.

A maioria das literaturas disponíveis abordam os efeitos da heterogeneidade em análises para avaliações em gado de leite e de corte. Literaturas disponíveis a respeito da heterogeneidade em análises para avaliações em aves não são facilmente encontradas. No entanto, trabalhos como os de Friedrich et al. (2004), indicam variâncias heterogêneas causando também significativo impacto na resposta de seleção de aves.

Ton et al. (2004), trabalhando com codornas do programa de desenvolvimento de linhagens da Universidade Estadual de Maringá, encontraram evidências da existência da interação genótipo x ambiente em aves de três linhagens de postura, quando alimentadas com rações de alta e baixa densidade de energia. Em experimento com codornas de corte, Silva et al. (2004) encontraram interações entre grupos genéticos, dietas e períodos

experimentais para as características ganho de peso, peso acumulado, consumo de ração e conversão alimentar.

Para a identificação das classes de heterogeneidade, a estratégia preferencial tem sido considerar o desempenho em diferentes ambientes como diferentes caracteres com correlações genéticas entre eles. Desse modo, a avaliação da existência de heterogeneidade de variâncias é realizada individualmente, para cada componente de variância. Entretanto, como os componentes estimados podem ser correlacionados, como no caso em que parâmetros de uma função que descreve o crescimento animal são as características, pode ser necessário a comparação das estruturas de (co)variâncias nas diferentes classes.

A preocupação com a heterocedasticidade multivariada é evidenciada desde 1928, tendo início a uma série de trabalhos de Neyman & Pearson propondo o método da razão de verossimilhanças (substituindo o estimador de máxima verossimilhança) para testar a igualdade de variâncias e covariâncias (Wilks, 1932). Desde então, confrontando-se com a comparação de matrizes de covariância, a maioria dos estatísticos têm recorrido a esse teste ou a testes baseados nele (Anderson, 1958; Press, 1982; Diniz et al., 2004).

Bryan & Rayner (1987) propuseram o particionamento do teste de razão de verossimilhança em três componentes, o qual foi capaz de identificar heterocedasticidade onde o teste por simples análise de componentes de variância individualizados não apresentou diferença significativa. Segundo estes autores, a única restrição do método da razão de verossimilhanças é a sua conhecida sensibilidade à não-normalidade dos dados. Por este motivo, é necessário confiar em resultados assintóticos (Press, 1982).

Assim sendo, este estudo objetivou apresentar métodos para avaliar a existência de heterogeneidade entre amostras de estruturas de (co)variâncias estimadas por procedimentos Bayesianos, as quais geralmente não assumem a distribuição normal.

Material e Métodos

Para as análises foram utilizadas três linhagens de codornas de postura (linhagem 1, com 330 animais; linhagem 2, com 295; e linhagem 3, com 333), pertencentes ao programa de desenvolvimento de linhagens de codornas de postura da Universidade Estadual de Maringá.

As progênes tinham controle genealógico completo e foram divididas em dois grupos conectados genealógicamente, cada um recebendo dieta com diferentes níveis de energia (alta densidade de energia = ambiente *a*; baixa densidade de energia = ambiente *b*), conforme composição das rações apresentadas nas Tabelas 1 e 2.

Tabela 1 Composição química e energética das rações experimentais

Tabela 1 Energetic composition of experimental diets

Item	Ração 1	Ração 2
Cálcio (%)	2,5	2,5
Energia metabolizável Mcal/kg	2900	2500
Fibra bruta (%)	3,277	3,775
Fósforo disponível (%)	0,36	0,36
Lisina total (%)	1,213	1,213
Metionina + Cistina total (%)	0,753	0,753
Proteína bruta	22,00	22,00
Sódio	0,18	0,18

Tabela 2 Composição percentual das rações experimentais

Table 2 Percentual composition of experimental diets

Alimento	Ração 1	Ração 2
Milho grão	50,83	48,855
Soja farelo	38,62	36,159
Trigo farelo	0,0	7,601
Calcário	5,29	5,342
Óleo de soja	3,16	0,00
Fosfato bicálcico	1,33	1,24
Sal comum	0,35	0,347
Vitpos-ave	0,252	0,252
DL-Metionina	0,075	0,073
Min-aves	0,068	0,068
L-Lisina HCl	0,016	0,048
BHT	0,01	0,01

Os grupos foram então divididos de maneira que, na linhagem 1 (L1) 168 animais foram alimentados com a ração de alta densidade de energia, ou seja, foram criados no ambiente *a*, e 162 animais foram alimentados com a ração de baixa densidade de energia, participando do ambiente *b*; na linhagem 2 (L2) 148 animais foram criados no ambiente *a* e 147 no ambiente *b*; e na linhagem 3 (L3) 171 animais foram criados no ambiente *a* e 162 animais foram criados no ambiente *b*.

As codornas foram pesadas individualmente no dia do nascimento, aos 15, 28 e posteriormente a cada 28 dias até completarem 4 meses de idade. A partir desses dados, foram ajustadas curvas de crescimento para cada animal, por meio do procedimento NLIN do programa SAS (SAS, 1992). A função de Von Bertalanffy foi empregada para descrever o desenvolvimento corporal, assumindo que W_{ij} é o peso corporal médio da linhagem *i* na idade *j*, sendo representada pelo seguinte modelo:

$$W_{ij} = A_i(1 - B_i e^{-K_i t_{ij}})^3 + e_{ij},$$

em que:

A_i é o peso corporal assintótico da linhagem *i* (*i*=1, 2 e 3), i.e., o peso em uma idade infinita;

B_i é igual a $\ln(a_i/W_{i0})$, tal que W_{i0} seja o peso corporal ao nascimento estimado para o animal *i*;

K_i é a taxa de maturação da linhagem *i*;

t_{ij} é a idade *j*, em dias, do animal *i*; e

e_{ij} é erro aleatório associado aos peso W_{ij} .

As informações dos parâmetros *A* (peso assintótico), *B* (parâmetro de escala, que tem relação inversa com o peso ao nascimento) e *K* (taxa de maturação) dessas curvas de

crescimento individuais foram consideradas variáveis biológicas e analisadas conjuntamente com um arquivo de pedigree que resultou em dados de 553, 504 e 570 animais na matriz de parentesco, nas linhagens 1, 2 e 3, respectivamente.

Para a estimação dos componentes de (co)variância genético aditivo e residual desses parâmetros, foi utilizado o conjunto de programas MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*) desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995), que procede a estimação Bayesiana pela amostragem de Gibbs.

Os dados foram analisados supondo-se a existência de heterogeneidade de (co)variâncias. Para considerar a heterogeneidade entre linhagens, foi realizada uma análise tricaracter, considerando os parâmetros A , B e K como características, para cada linhagem. Supondo heterogeneidade entre ambientes, os parâmetros A , B e K foram tratados como características distintas em cada ambiente, sendo realizadas uma análise hexacaracter para cada linhagem.

Em todas as análises, o modelo animal utilizado incluiu os efeitos genético aditivo e de ambiente não identificável (residual). O nível de energia na dieta foi considerado como efeito de ambiente identificável (comumente denominado “efeito fixo”).

O modelo utilizado na forma matricial, foi como segue:

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

em que

y é o vetor de observações;

X , Z são matrizes de incidência do efeitos de ambiente identificáveis e de efeitos genéticos diretos, respectivamente;

β é o vetor de efeitos de ambiente identificáveis;

a e e são, respectivamente, os vetores de efeitos aleatórios genéticos diretos e de resíduos.

A distribuição conjunta de y , a e e foi admitida como segue:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

sendo:

$$V = ZGZ' + R,$$

onde:

$$G = G_* \otimes A$$

em que:

A é a matriz de parentesco;

\otimes é o produto de Kronecker;

G_* é a matriz de (co)variância genética, dada a seguir:

nas análises tricaracter $G_* = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_1a_3} \\ \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2a_3} \\ \sigma_{a_1a_3} & \sigma_{a_2a_3} & \sigma_{a_3}^2 \end{bmatrix}$

$\sigma_{a_i}^2$ é a variância genética aditiva do parâmetro i , $i = A, B$ e K ;

$\sigma_{a_ia_j}$ é a covariância genética entre os parâmetros i e j , i e $j = A, B$ e K .

nas análises hexacaracter $G_* = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} & \cdots & \sigma_{a_1a_6} \\ \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_2}^2 & \cdots & \sigma_{a_2a_6} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_1a_6} & \sigma_{a_2a_6} & \cdots & \sigma_{a_6}^2 \end{bmatrix}$

$\sigma_{a_i}^2$ é a variância genética aditiva do parâmetro i , no ambiente de alta energia na dieta

($i = A_a, B_a$ e K_a) ou no ambiente de baixa energia na dieta ($i = A_b, B_b$ e K_b);

$\sigma_{a_i a_j}$ é a covariância genética entre os parâmetros i e j nos dois ambientes (i e $j = A_a, A_b, B_a, B_b, K_a$ e K_b).

$$R = R_* \otimes I$$

em que:

I_n é a matriz identidade, de ordem n , igual ao número de animais;

R_* é a matriz de (co)variância residual, dada a seguir:

nas análises tricaracter e hexacaracter $R_* = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_1 e_3} \\ \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_2}^2 & \sigma_{e_2 e_3} \\ \sigma_{e_1 e_3} & \sigma_{e_2 e_3} & \sigma_{e_3}^2 \end{bmatrix}$,

sendo:

$\sigma_{e_i}^2$ é a variância residual do parâmetro i , no ambiente de alta energia na dieta ($i=A_a, B_a$ e K_a) ou no ambiente de baixa energia na dieta ($i=A_b, B_b$ e K_b);

$\sigma_{e_i e_j}$ é a covariância residual entre os parâmetros i e j nos dois ambientes (i e $j = A_a, A_b, B_a, B_b, K_a$ e K_b).

Nas análises hexacaracter foram obtidas uma matriz de (co)variância residual para cada ambiente, pois os resíduos não são conectados entre eles.

Embora o MTGSAM seja um programa flexível quanto aos modelos de análise que podem ser utilizados, as distribuições *a priori* dos efeitos considerados no modelo são definidas pelo programa, sendo necessário definir apenas alguns parâmetros da distribuição dos componentes de variância (LÔBO et al, 1997).

Assim, foi assumido que para os efeitos de ambiente identificáveis não existe nenhum conhecimento inicial, tendo uma distribuição inicial uniforme e que a distribuição dos efeitos genéticos e dos resíduos é normal multivariada. Em se tratando dos valores

genéticos, foi considerada a estrutura de covariância conhecida proporcional a matriz de parentesco.

Para os componentes de variância foi considerado que G_* e R_* possuem distribuição de Wishart Invertida (IW) na forma:

$$G_* \sim IW(G_0, v_g) \text{ e } R_* \sim IW(R_0, v_e),$$

tal que:

$$f(G_* | G_0, v_g) \propto (G)^{-1/2(v_g + m_g + 1)} \cdot e^{-1/2tr(G_*^{-1}G_0^{-1})}$$

$$f(R_* | R_0, v_e) \propto (R)^{-1/2(v_e + m_r + 1)} \cdot e^{-1/2tr(R_*^{-1}R_0^{-1})},$$

onde

v_g , e v_e são os graus de liberdade das distribuições, que equivalem ao grau de crença que se tem acerca dos parâmetros;

m_g e m_r são as ordens das matrizes G e R , respectivamente;

G_0 e R_0 são as matrizes de parâmetro escala da distribuição G e R , respectivamente.

A função densidade de probabilidade conjunta *a posteriori* dos parâmetros, dados os hiperparâmetros, foi obtida por meio do produto das distribuições *a priori* pela função de verossimilhança, conforme descrito por Van Tassel & Van Vleck (1995). Para implementar a amostragem de Gibbs, foram obtidas as funções densidade de probabilidade condicionais completas para cada parâmetro, por meio da derivação da função de densidade *a posteriori* conjunta, considerando como constantes os valores dos outros parâmetros contidos no modelo, assim sendo gerada a distribuição do parâmetro de interesse:

$$\begin{aligned}
& f(\beta, u, G_*, R_* | y, v_g, G_0, v_{e_1}, s_{0_1}, \dots, v_{e_7}, s_{0_7}) \\
& \propto |R|^{-1/2} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)' R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right\} \\
& \quad \cdot |G|^{-\frac{1}{2}(n+v_g+m_g+1)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}[a'(G_*^{-1} \otimes A^{-1})a + \text{tr}(G_0^{-1}G_*^{-1})]\right\} \\
& \quad \cdot (R)^{-1/2(v_e+m_r+1)} \cdot e^{-1/2\text{tr}(R_*^{-1}R_0^{-1})}.
\end{aligned}$$

As estimativas das médias *posteriors* para os componentes de (co)variância foram baseadas no valor esperado de suas distribuições condicionais completas.

Em cada análise foi gerada uma cadeia de Gibbs de 10.100.000 ciclos e amostras foram retiradas a cada 10.000 ciclos, após a eliminação de 100.000 ciclos iniciais. Assim, foram obtidas 1.000 amostras dos componentes de (co)variância.

A convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs para distribuições estacionárias dos componentes de variância foi diagnosticada utilizando os métodos de Geweke e de Heidelberg & Welch, disponíveis na biblioteca CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis, versão 0.4), desenvolvido por Cowles et al. (1995), e implementado no programa R (2004).

A partir das amostras dos componentes de (co)variância, foram obtidas as matrizes de (co)variância genética e residual, nos ambientes *a* e *b* e nas linhagens 1, 2, e 3. Para avaliação da heterogeneidade entre as estruturas de (co)variância nos ambientes *a* e *b*, possivelmente causada pela alimentação diferenciada destes grupos, e entre as estruturas de (co)variância das três linhagens, possivelmente causada pela variabilidade diferenciada destes grupos genéticos, foram usados três diferentes métodos que contemplam estruturas multivariadas. Além disso, também foi realizada a verificação da heterogeneidade entre os componentes individualmente pretendendo a avaliação das diferenças entre os métodos.

1. Avaliação de diferenças entre os componentes de (co)variância individualmente

1.1 Heterogeneidade entre ambientes

Como os componentes de (co)variância para os ambientes a e b foram estimados nas mesmas análises (dentro das linhagens 1, 2 e 3), houve dependência na geração das amostras, permitindo a avaliação das diferenças entre os ambientes em cada uma das 1.000 amostras. Assim, para verificar a mudança na variância genética aditiva ($\sigma_{a_A}^2$, $\sigma_{a_B}^2$, $\sigma_{a_K}^2$), variância residual ($\sigma_{e_A}^2$, $\sigma_{e_B}^2$, $\sigma_{e_K}^2$), covariâncias genéticas ($\sigma_{a_A a_B}$, $\sigma_{a_A a_K}$, ou $\sigma_{a_B a_K}$) nas covariâncias residuais ($\sigma_{e_A e_B}$, $\sigma_{e_A e_K}$, ou $\sigma_{e_B e_K}$) dos parâmetros A , B e K das curvas de crescimento, foi calculada a diferença média percentual entre variâncias dos ambientes a e b , em relação ao ambiente a , para cada componente, individualmente, como segue:

$$\bar{C} = \frac{\sum_{i=1}^k (c_{ai} - c_{bi}) / ((c_{ai} + c_{bi}) / 2)}{n}$$

onde:

c_{ai} é a i ésima amostra do componente de (co)variância para o ambiente a ;

c_{bi} é a i ésima amostra do componente de (co)variância para o ambiente b ;

1.2 Heterogeneidade entre linhagens

Visto que os componentes de (co)variância para as linhagens 1, 2 e 3 foram estimados em análises distintas, a verificação das diferenças entre as linhagens foi realizada por meio da probabilidade de coincidência entre as distribuições *a posteriori*. Tomando-se 1.000 amostras dos componentes de variância, foram construídas as distribuições *a posteriori* de cada um dos componentes, separadamente, para a verificação da percentagem das médias *a posteriori* comuns às diferentes linhagens entre si, com o objetivo de determinar a probabilidade das estimativas estarem no mesmo intervalo.

2. Métodos que contemplam estruturas multivariadas

2.1 Logaritmo da razão de determinantes

Visto que o determinante é um escalar resultante de um polinomial dos elementos de uma matriz quadrada, tratando-se de uma matriz de variância e covariância, pode-se utilizar seu valor de determinante como um escalar para representá-la. Partindo desta concepção, se as matrizes obtidas das amostras dos componentes de (co)variância nos dois ambientes ou nas linhagens, duas a duas, forem idênticas, o resultado da razão dos seus determinantes será 1 (um). Ainda, se o logaritmo natural for aplicado à razão dos determinantes dessas matrizes a serem comparadas, então o resultado da diferença entre matrizes idênticas terá valor igual a 0 (zero).

A identificação de estruturas multivariadas heterogêneas foi então realizada segundo estas definições, sendo:

$$\log \frac{|A_i|}{|A_j|},$$

onde:

A_i e A_j são as matrizes de (co)variância genética aditiva ou residual dos ambientes (alta energia (a) e baixa energia (b) na dieta), ou das linhagens (1 e 2; 1 e 3; ou 2 e 3), sendo comparadas.

Dessa forma, para identificar mudança nas estruturas de (co)variância dos parâmetros da curva de crescimento, quando as codornas são alimentadas com rações contendo alta e baixa energia, foi avaliada a frequência com que as 1.000 amostras das matrizes de (co)variância genética e residual nos ambientes a e b apresentaram resultado diferente de zero.

Para identificar mudança nas estruturas quanto a diferenças entre linhagens, as 1.000 amostras das matrizes de (co)variância genética e residual das linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3 foram comparadas, obtendo-se aproximadamente 1.000.000 de amostras dos valores de logaritmo da razão de determinantes, visto que por serem análises distintas para cada linhagem, não houve conexão na geração destas amostras.

Os vetores resultantes permitiram a visualização das distribuições dessas diferenças por meio da construção de intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade a 90% de probabilidade.

2.2 Componentes principais

Por meio das matrizes de correlações entre as médias *a posteriori* observadas, obtidas para os componentes de (co)variância fenotípicos em cada análise, foram calculados os autovalores e os autovetores para cada ambiente (dentro das linhagens 1, 2 e 3) e para cada linhagem.

O autovalor que acumula a maior variância da estrutura de correlações foi estabelecido como o primeiro componente principal. Para definir esse componente, foi preciso obter os coeficientes que maximizam a variância. Então, após a padronização para o desvio padrão e para a média, as variáveis originais foram transformadas em um novo conjunto, pela combinação linear destas com os elementos do autovetor associados ao maior autovalor das matrizes de correlações das variáveis originais. Pretendeu-se, desta forma, tornar o espaço n-dimensional da estrutura de correlações um espaço unidimensional, fornecendo uma descrição mais simples desta estrutura e facilitando a identificação da heterocedasticidade.

Sendo assim, em cada linhagem, as matrizes de correlações para os dois ambientes resultaram na combinação linear do componente principal *CPa*, para o ambiente de alta

energia, e do componente principal *CPb* para o ambiente de baixa energia. As matrizes de correlações para cada linhagem foram utilizadas para a obtenção das combinações lineares dos componentes principais CPI1, CPI2 e CPI3, para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente.

Para a obtenção dos componentes de (co)variância para essas combinações de componentes principais, foram realizadas novas análises bicaracter. Em cada linhagem, as análises entre ambientes envolveram as combinações lineares dos componentes principais *CPa* e *CPb* como características. Nas análises entre linhagens, foram envolvidas as combinações CPI1 e CPI2; CPI1 e CPI3; e CPI2 e CPI3.

Para testar a ocorrência de heterogeneidade de variâncias, foi avaliada a diferença entre as amostras dos componentes de (co)variância das combinações de componentes principais de ambientes e de linhagens, para os componentes genético e residual. Essas diferenças puderam ser visualizadas pelos gráficos da distribuição posterior dos valores resultantes e pelo estabelecimento de intervalo de credibilidade e região de alta densidade, ao nível 90% de probabilidade.

2.3 Aproximação de χ^2 M-Box

Foi realizada uma avaliação de mudança entre as estruturas de (co)variância dos parâmetros *A*, *B* e *K* por meio do procedimento freqüentista clássico, tomando-se as médias *a posteriori* dos componentes de (co)variância para aplicação de um teste baseado no critério de razão de verossimilhança (Box, 1949).

Este teste propõe uma aproximação χ^2 para a distribuição de *M*, sendo chamado aproximação de χ^2 M-Box e pode ser definido por:

$$-2\log(1 - D_1)\log M ,$$

onde:

$$M = \frac{\prod_{i=1}^k |A_{ii}|^{n_i/2} n^{pn/2}}{\left| \sum_{i=1}^k A_{ii} \right|^{n/2} \prod_{i=1}^k n_i^{pn_i/2}}$$

$$D_1 = \frac{2p^2 + 3p - 1}{6(p+1)(k-1)} \left\{ \sum_i n_i^{-1} - n^{-1} \right\},$$

em que:

A_{ii} são as matrizes de (co)variância genética aditiva ou residual dos ambientes de alta energia (a) e baixa energia (b) na dieta ou das linhagens 1, 2 e 3;

n_i é o número de animais utilizados para estimar os parâmetros da curva e os respectivos componentes de (co)variância;

k é o número de conjuntos amostrais, entre os quais se deseja avaliar a heterogeneidade;

p é a dimensão das matrizes de (co)variância.

Assim, o resultado do critério M-Box foi testado pela distribuição de χ^2 .

Resultados e Discussão

1. Avaliação de diferenças entre os componentes de (co)variância individualmente

1.1 Heterogeneidade entre ambientes

Partindo das análises hexacaracter para cada linhagem, foram calculadas as estimativas de diferenças médias percentuais das amostras de (co)variâncias dos parâmetros A (peso corporal assintótico), B (parâmetro escala, que tem relação inversa com peso ao

nascimento), e K (taxa de maturação) das curvas de crescimento entre os ambientes de alta energia na dieta (a) e baixa energia na dieta (b), em relação à média destes ambientes, conforme são apresentadas na Tabela 3.

a) Linhagem 1

A covariância genética aditiva entre os parâmetros A e K ($\sigma_{a_A a_K}$) no ambiente a foi, na média das amostras, 426,72% inferior ao ambiente b , sendo o único componente genético a apresentar diferenças significativas entre os ambientes de alta e baixa energia na dieta para esta linhagem.

Em se tratando dos componentes residuais, as diferenças médias percentuais entre os ambientes a e b foram expressivas somente para a covariância residual entre os parâmetros A e K ($\sigma_{e_A e_K}$), que foi em média 839,02% maior no ambiente a do que no ambiente b .

b) Linhagem 2

Nesta linhagem, os componentes genéticos também apresentaram diferenças médias percentuais apontando coincidência entre a maioria das (co)variâncias dos parâmetros nos dois ambientes, exceto para $\sigma_{a_B a_K}$, sendo 64,95% maior em a do que b , indicando mudança não tão expressiva.

O componente residual $\sigma_{e_A e_B}$ foi o que apresentou o maior valor de diferença média percentual entre os ambientes a e b , com média de 201,54% maior no ambiente a do que no ambiente b , seguido pelo componente $\sigma_{e_A e_K}$, que apresentou diferença média de 63,58%, com superioridade no ambiente a .

c) Linhagem 3

Assim como nas duas outras linhagens, também somente as covariâncias apresentaram valores de diferença média percentual significativos. Os resultados indicaram

mudança nas covariâncias genéticas $\sigma_{a_A a_B}$ entre os dois ambientes, com diferença média de 601,97% superior no ambiente a . A mudança de $\sigma_{a_A a_K}$ nos dois ambientes não foi tão expressiva, com diferença média de 54,25%, superior no ambiente a .

Para os componentes residuais, não foi detectado presença de heterogeneidade de variâncias entre ambientes para essa linhagem.

Tabela 3 Valores de diferença média percentual entre variâncias dos ambientes de alta (a) e baixa (b) energia, em relação à média, para as linhagens 1, 2 e 3 (L1, L2, L3)

Table 3 Percent mean difference between variances of high (a) and low (b) energy environment relative to the average, for the strains 1, 2 and 3 (L1, L2, L3)

	Diferença Média Percentual Entre Variâncias dos Ambientes <u>a</u> e <u>b</u> em Relação à Média		
	<i>(Percent Mean Difference between <u>a</u> and <u>b</u> environments relative to the average)</i>		
	L1	L2	L3
<u>Componente genético</u>			
$\sigma_{a_A}^2$	16,47	-8,53	-15,77
$\sigma_{a_B}^2$	12,81	23,97	5,22
$\sigma_{a_K}^2$	12,88	37,34	3,42
$\sigma_{a_A a_B}$	-30,23	25,34	601,97
$\sigma_{a_A a_K}$	-426,72	20,25	54,25
$\sigma_{a_B a_K}$	15,83	64,95	-35,42
<u>Componente residual</u>			
$\sigma_{e_A}^2$	17,88	30,68	16,23
$\sigma_{e_B}^2$	35,08	-10,19	0,38
$\sigma_{e_K}^2$	0,63	6,37	-18,87
$\sigma_{e_A e_B}$	-21,13	201,54	-17,86
$\sigma_{e_A e_K}$	839,02	63,58	9,67
$\sigma_{e_B e_K}$	50,91	1,59	-16,67

1.2 Heterogeneidade entre linhagens

Tomando-se as amostras das médias posteriores de cada (co)variância genética aditiva para cada linhagem, obtidas nas análises tricaracter para os parâmetros A , B e K das

curvas de crescimento, verificou-se, conforme a Tabela 4, altos valores de probabilidade de amostras comuns dessas estimativas entre as três linhagens, excetuando-se do componente de variância genética aditiva do parâmetro A entre as linhagens 1 e 3, indicando presença de heterogeneidade somente para este componente.

Tabela 4 Probabilidade de coincidência entre as distribuições posteriores dos componentes de (co)variância das linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3

Table 4 Coincidence probability between the posterior distributions of the variance component between strains 1 and 2; 1 and 3; and 2 and 3

	Probabilidade de Coincidência		
	L1 X L2	L1 X L3	L2 X L3
<u>Componente genético</u>			
$\sigma_{a_A}^2$	80,68	20,80	84,47
$\sigma_{a_B}^2$	93,69	83,97	100,0
$\sigma_{a_K}^2$	100,0	96,7	95,3
$\sigma_{a_A a_B}$	97,80	97,12	93,26
$\sigma_{a_A a_K}$	99,50	86,36	80,54
$\sigma_{a_B a_K}$	97,51	98,30	97,61
<u>Componente residual</u>			
$\sigma_{e_A}^2$	99,50	100,0	100,0
$\sigma_{e_B}^2$	16,82	91,17	0,0004
$\sigma_{e_K}^2$	1,47	100,0	8,09
$\sigma_{e_A e_B}$	79,94	99,20	60,87
$\sigma_{e_A e_K}$	99,70	100,0	100,0
$\sigma_{e_B e_K}$	0,22	99,50	0,04

Em relação à (co)variância residual, tanto entre as linhagens 1 e 2, quanto entre as linhagens 2 e 3, foram verificadas probabilidades das médias posteriores comuns para os componentes $\sigma_{e_B}^2$, $\sigma_{e_K}^2$ e $\sigma_{e_B e_K}$ muito próximas de zero, mostrando que deve haver a presença de heterogeneidade entre estas (co)variâncias destas linhagens; e probabilidades não tão desprezíveis para o componente $\sigma_{e_A e_B}$. Para os demais resultados a probabilidade

das estimativas estarem no mesmo intervalo entre as linhagens foi alta, não detectando presença de heterogeneidade.

2. Métodos que contemplam estruturas multivariadas

2.1 Logaritmo da razão de determinantes

2.1.1 Heterogeneidade entre ambientes

Analisando-se os dados, de forma a pressupor a possível existência de heterogeneidade de (co)variâncias, as matrizes obtidas para cada amostra destas estimativas foram avaliadas com base no logaritmo natural da razão entre os determinantes, resultando em intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade que podem ser visualizados na Tabela 5. Adicionalmente, também podem ser observados os valores de média dos logaritmos da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variâncias e a frequência que estes valores foram maiores no ambiente *a*, para cada linhagem (Tabela 6), assim como os gráficos das distribuições posteriores destes valores, nas Figuras 1 até 6.

Tabela 5 Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, das diferenças na estrutura de (co)variância entre condição de alta (*a*) e baixa (*b*) energia fornecida na dieta, com base no logaritmo da razão de determinantes para as linhagens 1, 2 e 3

Table 5 Credibility interval and high density region, genetic and residual, at the level of 90%, for (co)variance structure differences between high and low dietary energy levels, calculated by the logarithm of the ratio between determinants, for strains 1, 2 and 3

Linhagem (Strain)	Intervalo de Credibilidade (Credibility interval)		Região de Alta Densidade (High Density Region)	
	Genético (Genetic)	Residual (Residual)	Genético (Genetic)	Residual (Residual)
1 (<i>a</i> x <i>b</i>)	-1,4212 – 2,2313	0,0997 – 0,9814	-1,4265 – 2,2256	0,1361 – 1,0019
2 (<i>a</i> x <i>b</i>)	-1,9645 – 2,6809	-1,4997 – 1,2961	-1,7940 – 2,7622	-1,4997 – 1,2557
3 (<i>a</i> x <i>b</i>)	-1,6842 – 1,5371	-0,2407 – 0,6151	-1,7206 – 1,4955	-0,2370 – 0,6160

Tabela 6 Média e frequência das diferenças na estrutura de (co)variância entre condição de alta (*a*) e baixa (*b*) energia fornecida na ração, para as linhagens 1, 2 e 3

Table 6 Mean and frequency of (co)variance structure differences between high and low dietary energy levels, for the strains 1, 2 and 3

Linhagem (Strain)	Genético (Genetic)		Residual (Residual)	
	Frequência (frequency)	Média (average)	Frequência (frequency)	Média (average)
1 (<i>a</i> x <i>b</i>)	64,26%	0,408	97,2%	0,552
2 (<i>a</i> x <i>b</i>)	61,12%	0,405	41,86%	-0,154
3 (<i>a</i> x <i>b</i>)	48,48%	-0,026	77,22%	0,180

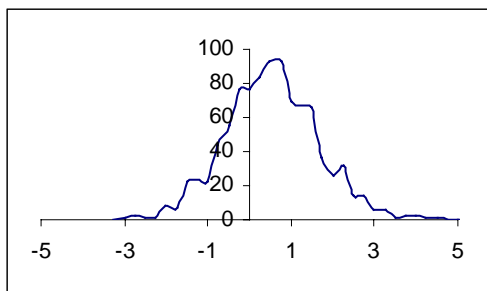


Figura 1 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância genética da linhagem 1

Figure 1 – Posterior distribution of the logarithm of the ratio between determinants of the samples of the genetic (co)variance structures in strain 1

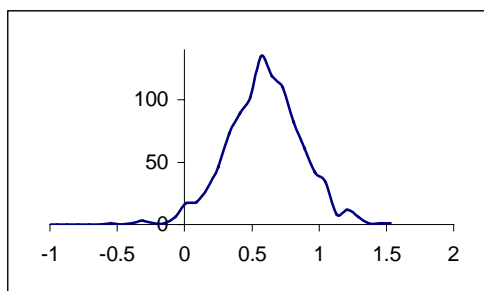


Figura 2 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância residual da linhagem 1

Figure 2 – Posterior distribution of the logarithm of the ratio between determinants of the samples of the residual (co)variance structures in strain 1

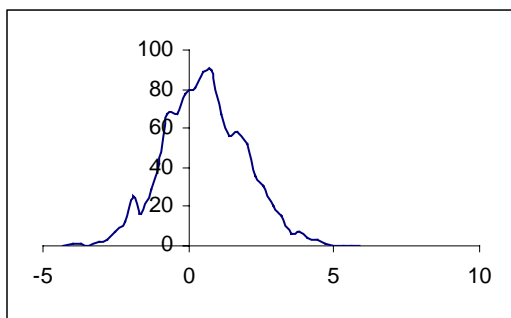


Figura 3 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância genética da linhagem 2

Figure 3 – Posterior distribution of the logarithm of the ratio between determinants of the samples of genetic (co)variance structures in strain 2

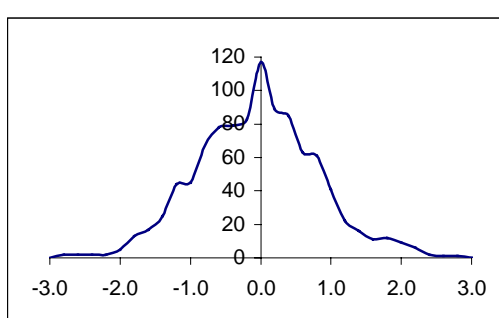


Figura 4 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância residual da linhagem 2

Figure 4 – Posterior distribution of the logarithm of the ratio between determinants of the samples of the residual (co)variance structures in strain 2

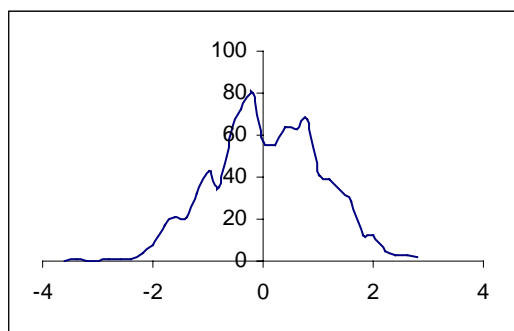


Figura 5 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância genética da linhagem 3

Figure 5 – Posterior distribution of the logarithm of the ratio between determinants of the samples of the genetic (co)variance structures in strain 3

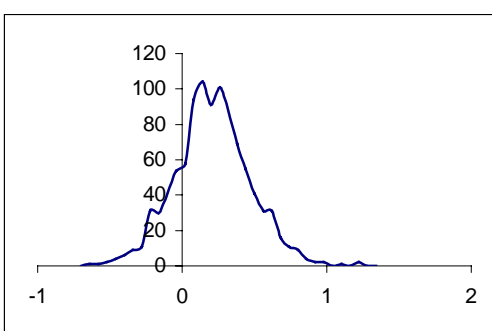


Figura 6 – Distribuição posterior dos valores de logaritmo da razão dos determinantes das amostras das estruturas de (co)variância residual da linhagem 3

Figure 6 – Posterior distribution of the logarithm of the ratio between determinants of the samples of the residual (co)variance structures in strain 3

a) Linhagem 1

Dentro da linhagem 1, os vetores resultantes indicam que as estruturas de (co)variância genética para os ambientes a e b foram apenas ligeiramente distintas, visto que o logaritmo da estrutura no ambiente a foi superior ao logaritmo no ambiente b em 64,26% das amostras e a média das diferenças foi 0,408, em relação ao ambiente a . O intervalo de credibilidade e a região de alta densidade foram simétricos, desviando-se do ponto de diferença zero em direção à diferença positiva em relação ao ambiente a , bem como também permite ser visualizado no gráfico da distribuição das diferenças entre as estruturas (Figura 1).

Os valores dos logaritmos da razão de determinantes indicaram maior probabilidade de diferença entre as estruturas de (co)variância residual, com 97,2% das amostras de a superiores à b , com média das diferenças de 0,552.

b) Linhagem 2

A média e frequência das diferenças entre as estruturas de (co)variância genética para esta linhagem foram semelhantes aos da linhagem 1. Porém, para as estruturas residuais não é possível a afirmação de uma mudança tão significativa, quanto na linhagem 1. A média das diferenças foi $-0,154$, com 41,86% das amostras com estruturas residuais superiores no ambiente a , ou seja, maior percentagem de amostras superiores no ambiente b .

c) Linhagem 3

Houve também pouca mudança entre as estruturas de (co)variância genética, com 48,48% das amostras sendo superiores no ambiente a e média das diferenças de $-0,026$. Todavia, nesta linhagem o intervalo de credibilidade e a região de alta densidade

desviaram-se do ponto de diferença zero em direção à diferença negativa em relação ao ambiente *a*, indicando maior tendência à superioridade do ambiente *b*.

Para as matrizes de (co)variâncias residuais, o número de amostras distintas é maior, com 77,22% de estruturas em *a* sendo superiores às estruturas em *b* e média das diferenças de 0,18.

2.1.2 Heterogeneidade entre linhagens

As matrizes obtidas para cada amostra dos componentes de (co)variância das análises para as três linhagens foram combinadas entre as linhagens calculando-se os valores de logaritmo da razão de determinantes. Para aproximadamente 1.000.000 de amostras destes valores foram construídos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade (Tabela 7).

Tabela 7 Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, das diferenças na estrutura de (co)variância entre as linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3 com base no logaritmo da razão de determinantes

Table 7 Genetic and residual credibility intervals and high density region at 90% for (co)variance structure differences between strains 1 and 2; 1 and 3; and 2 and 3, calculated by the log of the determinants ratio

Linhagens (Strain)	Intervalo de Credibilidade (Credibility interval)		Região de Alta Densidade (High Density Region)	
	Genético (Genetic)	Residual (Residual)	Genético (Genetic)	Residual (Residual)
1 x 2	-2,6652 – 2,1689	-0,4714 – 2,0586	-2,6889 – 2,1439	-0,3515 – 2,1562
1 x 3	-2,8360 – 2,3277	-1,1652 – 1,8267	-2,7703 – 2,3883	-1,1176 – 1,8707
2 x 3	-2,4940 – 2,4769	-1,7794 – 0,8065	-2,4206 – 2,5432	-1,8248 – 0,7555

Para a (co)variância genética não foi possível a afirmação da ocorrência de estruturas heterogêneas entre linhagens, pois os intervalos de credibilidade e as regiões de alta densidade pouco se desviaram do ponto de diferença zero, apresentando-se também bastante simétricas.

A distribuição dos valores dos logaritmos da razão de determinantes entre as estruturas de (co)variância residual das linhagens 1 e 2 apresentaram o intervalo de

credibilidade com maior tendência de se desviar do ponto zero de diferença, e foi em direção à diferença positiva em relação à linhagem 1, indicando sua superioridade em relação à linhagem 2. As diferenças entre as linhagens 2 e 3 tiveram leve tendência a se desviar do ponto de diferença zero, em direção à diferença negativa em relação à linhagem 2, indicando superioridade da linhagem 1.

É importante destacar que não foi possível a aplicação do logaritmo para todas as amostras devido a problemas de ocorrência de mau condicionamento em algumas matrizes de variância e covariância, resultando em determinantes negativos. Assim, seria apropriado um estudo mais específico a respeito desta ocorrência de amostras de variância e covariância geradas pelo amostrador de Gibbs que resultam em estruturas inconsistentes.

2.2 Componentes Principais

A importância relativa de um componente principal, dada por sua variância em razão da variância total, indica a proporção da variância total que é explicada pelo componente principal. Deste modo foram calculadas as participações do primeiro e segundo componentes principais na variação total (Tabelas 10 e 13).

Na análise de componentes principais, recomenda-se escolher os primeiros componentes que acumulam uma percentagem de variância igual ou superior a 70%, para se fazer uma interpretação no espaço de dimensão reduzido. Entretanto, pode-se observar que nas análises do presente trabalho o primeiro componente principal foi responsável por apenas 39,04% e 39,59% da variação total dos parâmetros da linhagem 1, considerando os ambientes de alta e baixa energia na dieta. Na linhagem 2 essas participações foram de 60,97% e 54,59%; e na linhagem 3 foram de 65,81% e 67,51%, nos ambientes *a* e *b*, respectivamente. Para as análises nas quais foram obtidos os componentes principais com o intuito da comparação entre linhagens, a participação do primeiro componente na variação

total dos parâmetros também não acumulou a variação necessária. A participação do primeiro componente principal foi de 64,50%, 57,68%, e 66,72% nas linhagens 1, 2, e 3, respectivamente.

Apesar de ser possível o primeiro componente acolher grande parte da variabilidade total, freqüentemente são necessários mais componentes para reproduzir todo o sistema. Em um trabalho com cinco classes de pesos de bovinos da raça canchim, Mascioli et al. (1997) só encontraram 90% da variação total dos pesos considerando os três primeiros componentes, dentre os cinco estudados. No presente trabalho, só foi possível alcançar uma variância superior a 70% considerando os dois primeiros componentes. Portanto, como o primeiro componente principal não acumulou variância suficiente, este resultado dificultou a detecção da heterocedasticidade.

2.2.1 Heterogeneidade entre ambientes

As análises geraram amostras das estimativas obtidas para os componentes de variância genético e residual dos componentes principais para os ambientes de alta energia (*CPa*) e baixa energia (*CPb*) na dieta, nas três linhagens. Feito isto, foram geradas distribuições para as diferenças entre esses componentes (*CPa - CPb*), sendo construídos intervalos de credibilidade, no nível de 90% (Tabela 8) e calculadas as médias das diferenças e a freqüência que o ambiente *a* foi superior ao ambiente *b*, para cada linhagem (Tabela 9). Também é possível a visualização das distribuições posteriores das diferenças por meio de gráficos, dispostos nas Figuras 7 até 12.

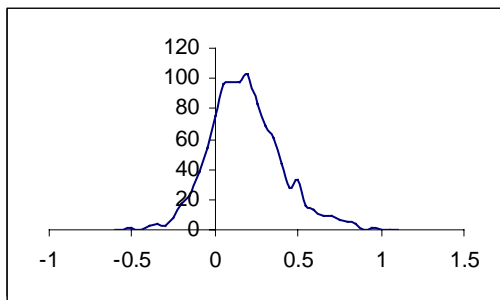


Figura 7 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 1

Figure 7 – Posterior distribution of differences between genetic (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components, in strain 1

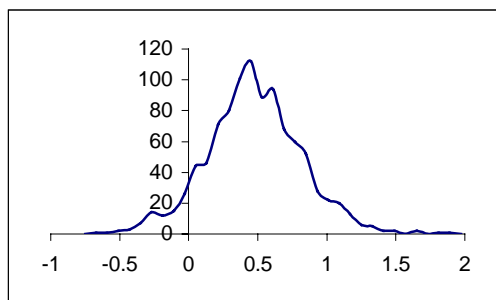


Figura 8 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 1

Figure 8 – Posterior distribution of differences between residual (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components, in strain 1

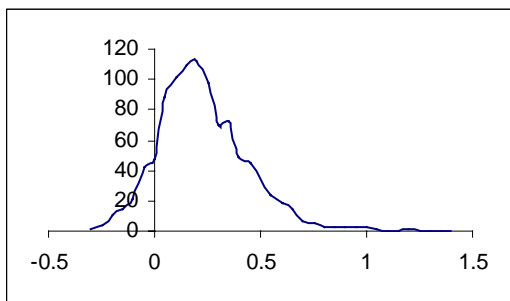


Figura 9 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 2

Figure 9 – Posterior distribution of differences between genetic (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components, in strain 2

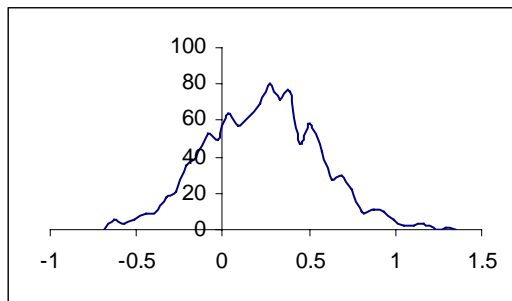


Figura 10 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 2

Figure 10 – Posterior distribution of differences between residual (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components, in strain 2

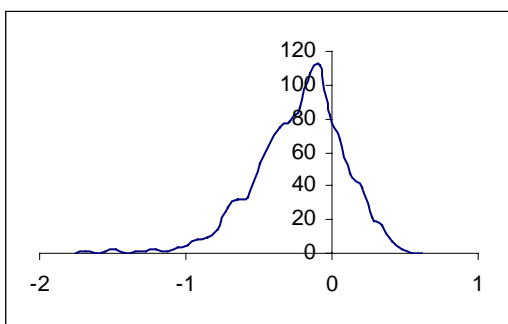


Figura 11 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 3

Figure 11 – Posterior distribution of differences between genetic (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components, in strain 3

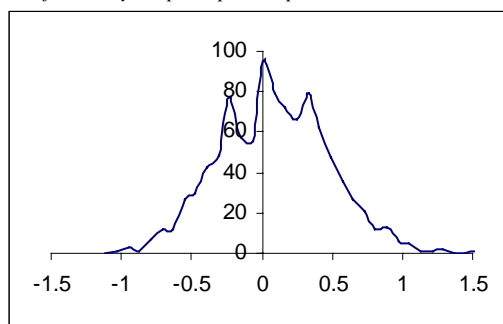


Figura 12 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais, da linhagem 3

Figure 12 – Posterior distribution of differences between residual (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components, in strain 3

Tabela 8 Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, para as diferenças nas estruturas de (co)variância genéticas e residuais dos componentes principais nos ambientes de alta (*a*) e baixa (*b*) energia fornecida na dieta, para as linhagens 1, 2 e 3

Table 8 Genetic and residual credibility intervals and high density region at 90% for differences at genetic and residual (co)variance structures of principal components in two environments of high (*a*) and low (*b*) dietary energy levels, for the strains 1, 2 and 3

Linhagem (Strain)	Intervalo de Credibilidade (Credibility interval)		Região de Alta Densidade (High Density Region)	
	Genético (Genetic)	Residual (Residual)	Genético (Genetic)	Residual (Residual)
<i>Cpa</i> x <i>CPb</i>				
1	-0,1646 – 0,5395	-0,1367 – 1,0142	-0,1935 – 0,4943	-0,1096 – 1,0305
2	-0,1015 – 0,5738	-0,3344 – 0,7369	-0,1261 – 0,5273	-0,3204 – 0,7414
3	-0,7761 – 0,1880	-0,5843 – 0,6869	-0,7634 – 0,1924	-0,6036 – 0,6494

Tabela 9 Média e frequência das diferenças entre os componentes principais nas condições de alta (*a*) e baixa (*b*) energia fornecida na dieta, para as linhagens 1, 2 e 3

Table 9 Mean and frequency of (co)variance structure differences between high and low dietary energy levels, for the strains 1, 2 and 3

Linhagem (Strain)	Genético (Genetic)		Residual (Residual)	
	Frequência (frequency)	Média (average of differences)	Frequência (frequency)	Média (average of differences)
<i>Cpa</i> x <i>CPb</i>				
1	77,42%	0,157	90,01%	0,434
2	85,91%	0,200	72,23%	0,200
3	18,68%	-0,257	54,45%	0,047

Foi possível detectar a heterogeneidade das estruturas de (co)variância (no nível de 90% de probabilidade) apenas para o componente residual, na linhagem 1. Neste componente, a estrutura de *a* teve maior variabilidade que a estrutura de *b* em 90,01% das amostras. Provavelmente, a magnitude das diferenças entre as estruturas neste caso foi tal que, mesmo não acumulando toda a variância, a análise nos dois ambientes foi capaz de detectar a presença de heterogeneidade. Pode-se observar que, excetuando-se o componente genético da linhagem 3, todos os componentes apresentaram intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade que se desviaram do ponto de diferença zero em direção à diferença positiva em relação ao ambiente *a*, indicando maior tendência à superioridade do ambiente *a*. O componente genético da linhagem 3 apresentou apenas 18,68% de probabilidade do ambiente *a* ser superior ao ambiente *b*, com média das diferenças de – 0,257 entre as combinações lineares *CPa* e *CPb*.

Tabela 10 Autovetores e participações do primeiro componente principal (CPI) e acumulada do segundo (CPI+CP2), na variação total dos parâmetros, para os ambientes de alta (*a*) e baixa (*b*) energia fornecida na dieta, para as linhagens 1, 2 e 3

Table 10 Vector components and participation for first principal component (CPI) and accumulated of the second (CPI+CP2) in the total variation of the parameters, in two environments of high (*a*) and low (*b*) dietary energy levels, for the strains 1, 2 and 3

Componentes do vetor (vector components)	Linhagem 1 (Strain 1)		Linhagem 2 (Strain 2)		Linhagem 3 (Strain 3)	
	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>a</i>	<i>b</i>
v_{11} (A)	-0,513	-0,608	-0,404	-0,150	-0,412	-0,386
v_{12} (B)	0,653	0,666	0,596	0,672	0,609	0,632
v_{13} (K)	0,557	0,431	0,694	0,726	0,678	0,672
CPI	39,04%	39,59%	60,97%	54,59%	65,81%	67,51%
(CPI+CP2)	(70,91%)	(71,78%)	(92,36%)	(92,12%)	(94,67%)	(95,76%)

Podemos avaliar a importância de cada característica (parâmetros *A*, *B* e *K*) pelo valor do seu coeficiente em relação aos demais do mesmo componente principal. Os coeficientes do primeiro componente principal são os elementos do próprio autovetor associado a ele. Desta forma, pode-se observar (Tabela 10), que para as três linhagens, os parâmetros *B* e *K* tiveram maior importância no primeiro componente, tanto para o ambiente *a* como para o ambiente *b*. Esse resultado indica maior participação da taxa de maturação e do peso ao nascimento no crescimento das codornas, em detrimento do peso à maturidade. Na linhagem 1 o parâmetro *B* teve coeficientes superiores aos do parâmetro *K* e nas linhagens 2 e 3 essa situação foi oposta. Entretanto, a importância dessas características não variou entre os dois ambientes. O parâmetro *A* teve os valores de coeficientes mais baixos, variando entre 0,608 e 0,150. Porém, a diferença entre os dois ambientes para o parâmetro *A* foi sutilmente maior que para os parâmetros *B* e *K*. É possível que as características (parâmetros *A*, *B* e *K*) tenham importâncias relativas diferentes nos diferentes ambientes devido à presença de heterocedasticidade, porém, neste trabalho não foi possível uma boa identificação dessas diferenças também pelo fato do primeiro componente não ter acumulado variação suficiente.

2.2.2 Heterogeneidade entre linhagens

As distribuições de estimativas de variâncias genética e residual dos componentes principais das linhagens 1 (*CPI1*), 2 (*CPI2*) e 3 (*CPI3*) geraram as distribuições para as diferenças entre os componentes nas combinações *CPI1 - CPI2*; *CPI1 - CPI3*; e *CPI2 - CPI3*. Os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade das distribuições destas diferenças são apresentados na Tabela 11. A média das diferenças e a frequência que uma linhagem foi superior à outra, de acordo com as combinações acima citadas, estão disponíveis na Tabela 12. Finalmente, nas Figuras 13 até 18, são apresentadas ilustrações das distribuições das diferenças, por meio de gráficos.

Não foi possível detectar a heterogeneidade entre as estruturas de (co)variâncias das linhagens em nenhuma das combinações, a 90% de probabilidade. Essa avaliação foi novamente dificultada pelo primeiro componente principal não ter acumulado variância suficiente. Contudo, os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade das diferenças convergiram para a superioridade da estrutura da linhagem 3.

Tabela 11 Intervalo de credibilidade e Região de Alta Densidade, genético e residual, ao nível de 90%, para as diferenças nas estruturas de (co)variância genéticas e residuais dos componentes principais nas comparações entre as linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3

Table 11 Genetic and residual credibility intervals and high density region at 90% for differences at genetic and residual (co)variance structures of principal components in the comparisons between strains 1 and 2; 1 and 3; and 2 and 3

Linhagens (Strain)	Intervalo de Credibilidade (Credibility interval)		Região de Alta Densidade (High Density Region)	
	Genético (Genetic)	Residual (Residual)	Genético (Genetic)	Residual (Residual)
<i>CPI1</i> x <i>CPI2</i>	-0,1682 – 0,3720	-0,3198 – 0,4521	-0,1892 – 0,3451	-0,0056 – 0,3941
<i>CPI1</i> x <i>CPI3</i>	-0,3143 – 0,3129	-0,5211 – 0,3573	-0,3207 – 0,2883	-0,5117 – 0,3611
<i>CPI2</i> x <i>CPI3</i>	-0,5844 – 0,2199	-1,7794 – 0,8065	-0,5544 – 0,2362	-1,8248 – 0,7555

Tabela 12 Média e frequência das diferenças entre os componentes principais nas comparações entre as linhagens 1 e 2; 1 e 3; e 2 e 3

Table 12 Mean and frequency of (co)variance structure differences between strains 1 and 2; 1 and 3; and 2 and 3

Linhagem (Strain)	Genético (Genetic)		Residual (Residual)	
	Frequência (frequency)	Média (average)	Frequência (frequency)	Média (average)
<i>CPI1</i> x <i>CPI2</i>	69,73%	0,089	56,44%	0,046
<i>CPI1</i> x <i>CPI3</i>	47,45%	-0,010	39,46%	-0,077
<i>CPI2</i> x <i>CPI3</i>	33,37%	-0,065	21,28%	-0,195

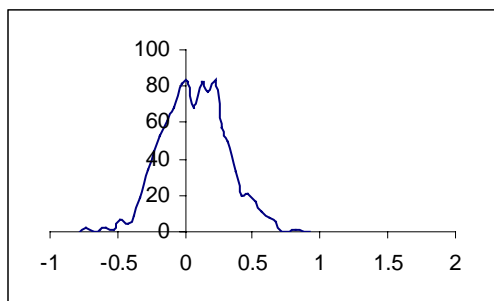


Figura 13 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 2

Figure 13 – Posterior distribution of differences between genetic (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components of strains 1 and 2

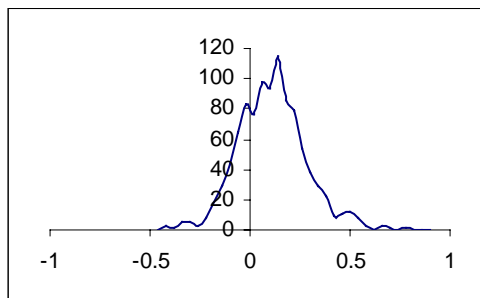


Figura 14 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 2

Figure 14 – Posterior distribution of differences between residual (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components of strains 1 and 2

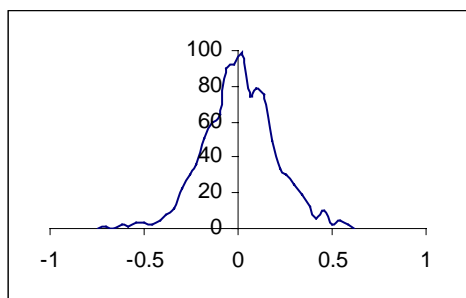


Figura 15 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 3

Figure 15 – Posterior distribution of differences between genetic (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components of strains 1 and 3

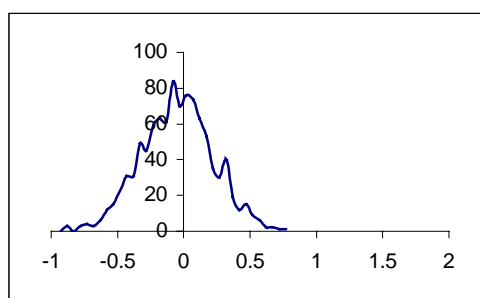


Figura 16 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 1 e 3

Figure 16 – Posterior distribution of differences between residual (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components of strains 1 and 3

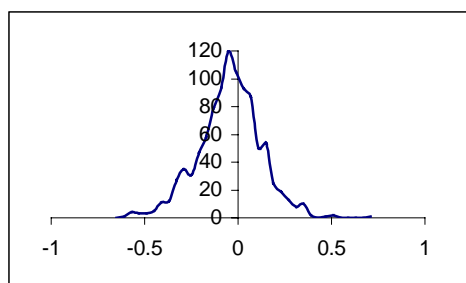


Figura 17 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância genética para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 2 e 3

Figure 17 – Posterior distribution of differences between genetic (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components of strains 2 and 3

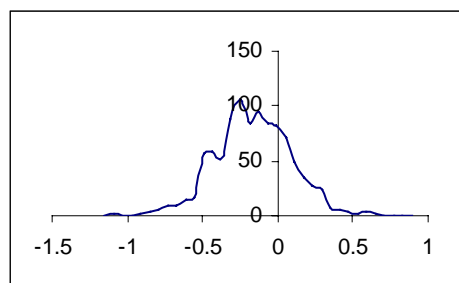


Figura 18 – Distribuição posterior das diferenças entre as amostras dos componentes de (co)variância residual para as variáveis transformadas pelos componentes principais das linhagens 2 e 3

Figure 18 – Posterior distribution of differences between residual (co)variance component samples for the variables transformed by the principal components of strains 2 and 3

Esse resultado também é corroborado pelos valores de média das diferenças entre $CPI1 - CPI3$ e $CPI2 - CPI3$, sendo $-0,010$ e $-0,065$ para o componente genético e $-0,077$ e $-0,195$ para o componente residual, respectivamente. Nesse sentido, a estrutura da linhagem 2 parece ter sido a menor nas comparações. Ainda, a comparação com maior divergência entre estruturas genéticas foi entre as linhagens 1 e 2 e entre estruturas residuais foi entre as linhagens 2 e 3.

Pode ser observada a importância dos parâmetros A , B e K nas diferentes linhagens de acordo com os valores dos coeficientes do primeiro componente principal disponíveis na Tabela 13. Diferentemente da análise para avaliação entre ambientes, os coeficientes que apresentaram maior importância no primeiro componente principal foram dos parâmetros A e B , além disso, a importância dessas características não variou entre as linhagens. Os valores dos coeficientes nas três linhagens foram sutilmente mais variáveis para o parâmetro A .

Tabela 13 Autovetores e participações do primeiro componente principal (CP1) e acumulada do segundo (CP1+CP2), na variação total dos parâmetros, para as linhagens 1, 2 e 3

Table 13 Vector components and participation of the first principal component (CP1) and accumulated of the second (CP1+CP2) in the total variation of the parameters, for strain 1, 2 and 3

	Linhagem 1 (Strain 1)	Linhagem 2 (Strain 2)	Linhagem 3 (Strain 3)
Componentes do vetor (vector components)			
v_{11} (A)	-0,360	-0,314	-0,397
v_{12} (B)	0,636	0,623	0,621
v_{13} (K)	-0,682	-0,716	-0,676
CP1	64,50%	57,68%	66,72%
(CP1+CP2)	(94,35%)	(91,01%)	(95,32%)

2.3 Critério M-Box

Aplicando-se o critério M-Box para as médias posteriores dos componentes de (co)variância e utilizando-se do método freqüentista, foi encontrado homogeneidade entre

todas estruturas de (co)variância genéticas e residuais, tanto nas comparações entre linhagens como nas comparações entre ambientes, exceto para o componente genético, dentro da linhagem 1. Neste componente, foi obtido uma matriz mal-condicionada e por isso a verificação de heterogeneidade entre ambientes para a linhagem 1 não pôde ser efetuada.

Conclusões

A avaliação dos componentes de (co)variância de forma individualizada apontou a existência de heterogeneidade predominantemente para os componentes de covariância genética entre ambientes e para componentes de variância residual entre linhagens.

O logaritmo da razão entre determinantes indicou a existência unicamente de heterogeneidade nas estruturas de (co)variância residuais, enquanto a análise dos componentes de variância do primeiro componente principal indicou heterogeneidade tanto para as estruturas de (co)variâncias genéticas quanto residuais.

O critério de M-Box não indicou a presença de heterogeneidade nas estruturas de (co)variância.

O uso do primeiro componente principal pareceu mais capaz de detectar a presença de heterogeneidade nas estruturas de (co)variância, mesmo quando o autovalor a ele associado não foi de grande magnitude.

Referências Bibliográficas

- ANDERSON, T.W. **An introduction to multivariate statistical analysis**. New York: John Wiley & Sons, Inc., 1958. 374p.
- BOX, G. E. P. A general distribution theory for a class of likelihood criteria. **Biometrika**, v. 36, n.3/4, p.317-346, 1949.
- BRYAN, F.J.M.; RAYNER, J.C.W. The comparison of sample covariance matrices using likelihood ratio tests. **Biometrika**, v. 74, n.4, p.841-847, 1987.
- DINIZ, C.A.R.; MAZUCHELI, J.; RENAN, C. Power of Two Tests for the Homogeneity of Covariance Matrices. **Rev. Mat. Est. São Paulo** v. 20, p.001-020, 2004.
- FRIDRICH, A.B.; ALMEIDA E SILVA, M.; VENTURA, R.V. et al. Influência da heterogeneidade de variância na classificação de aves utilizando dados simulados. In: V SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2004, Pirassununga. Anais... Pirassununga: SBMA, 2004.
- LOBO, R.B.; OLIVEIRA, H.N.; BEZERRA, L.F. et al. Estimativa de componentes de (co)variância herdabilidade para o peso aos 120 dias de idade na raça Nelore usando estatística bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora – MG. Anais... Juiz de Fora: SBZ, 1997. p. 186 – 189.
- MARTINS, E.N. Avaliação Genética e Heterogeneidade de Variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife-PE. Anais... Recife: SBZ, [2002]. CD-ROM. Melhoramento genético animal.
- PRESS, S.J. **Applied multivariate analysis: using bayesian and frequentist methods of inference**. Malabar, Florida: Robert E. Krieger Publishing Co., 1982.
- REKAYA, R.; WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.
- SAS INSTITUTE. SAS/STAT[®]. **User's guide: statistics, versão 8.1**. 4. ed., v.2, Cary: SAS Institute, 2000.
- TON, A.P.S.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. et al. Estimativa da Interação Genótipo X Ambiente na Produção de Ovos em Codornas de Postura. In: SIMPÓSIO INTERNAICONAL E I CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA, 2, 2004, Lavras, p.235, 2004.
- VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture Research Service, 1995. 86p.
- WILKS, S.S. Certain generalizations in the analysis of variance. **Biometrika**, v. 24, n.3/4, p.471-494, 1932.