

MEDIDAS REPETIDAS NO ESTUDO DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA AVALIADAS POR ULTRASSOM EM NOVILHAS DE CORTE CRUZADAS¹

MARCOS JUN-ITI YOKOO^{2*}, ALEX ARCELI ORTELAN³, JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO⁴, GUILHERME JORDÃO DE MAGALHÃES ROSA⁵, FERNANDO FLORES CARDOSO², LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE³

¹Recebido para publicação em 10/03/14. Aceito para publicação em 11/06/14.

²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa de Pecuária dos Campos Sul-Brasileiros (CPPSUL), Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil.

³Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil.

⁴Universidade Federal do Piauí, Campus Universitário Profa. Cinobelina Elvas, Bom Jesus, PI, Brasil.

⁵University of Wisconsin, Department of Dairy Science, Madison, WI, USA.

*Autor correspondente: marcos.yokoo@embrapa.br

RESUMO: Com o objetivo de estudar o desenvolvimento de características de carcaça obtidas por ultrassom, peso vivo, perímetro torácico e altura do posterior, dados longitudinais foram analisados por diferentes estruturas de (co)variâncias residuais que consideram homogeneidade ou heterogeneidade de (co)variâncias, para melhor representar a variabilidade entre observações e dentro de indivíduo, ao longo do tempo. As medidas foram obtidas em 120 novilhas, sendo 60 $\frac{1}{2}$ Braunvieh x $\frac{1}{4}$ Santa Gertrudes $\frac{1}{4}$ x Nelore e 60 $\frac{1}{2}$ Santa Gertrudes x $\frac{1}{2}$ Nelore. As características foram avaliadas em intervalos de 28 dias, totalizando até cinco medidas em cada grupo. Foram comparados diversos modelos com o intuito de identificar estruturas de (co)variâncias residuais adequadas para melhor representar a variação das medidas dentro de indivíduos, com base no critério *Schwarz's Bayesian Criterion*. Posteriormente, avaliou-se o modelo mais adequado para regressão das características em função da idade, usando polinômios ordinários e verificando a necessidade de diferentes curvas para cada grupo genético. Diferentes estruturas de (co)variância residual devem ser consideradas em análise de dados longitudinais, visando melhor representar a variabilidade entre observações e dentro de indivíduo. Os grupos genéticos estudados diferem entre si, ao longo do tempo, para as características peso, altura do posterior, perímetro torácico e área de olho de lombo.

Palavras-chave: altura do posterior, área de olho de lombo, circunferência torácica, estrutura de (co)variância, polinômios ordinários.

REPEATED MEASURES IN THE STUDY OF GROWTH AND ULTRASOUND CARCASS TRAITS IN CROSS HEIFERS

ABSTRACT: The aim of this paper was to study the development of carcass traits obtained by ultrasound, weight, chest circumference and hip height by longitudinal data of two genetic groups of heifers. These data were analyzed by different structures of residual (co)variance consider homogeneity or heterogeneity of (co)variances to better represent the variability between and within individual observations over the time. The traits were obtained in 60 animals $\frac{1}{2}$ Braunvieh x $\frac{1}{4}$ Santa Gertrudes x $\frac{1}{4}$ Nelore and 60 animals $\frac{1}{2}$ Santa Gertrudes x $\frac{1}{2}$ Nelore. The traits were evaluated at intervals of 28 days. The comparison was done with several models, based on the criterion SBC (*Schwarz's Bayesian Criterion*) with the goal of identifying structures of residual (co) variance more appropriate to best represent the variation of the measures within individuals. Later, as the animals were measured at different ages, it was evaluated the most appropriate model to regress these traits as a function of age, using ordinary polynomials and verifying the need for different curves for each genetic group. The results indicated that it should consider different structures of residual (co)variance to better represent the variability between and within individual

observations. For weight, hip height, chest circumference and *longissimus* muscle area traits there are differences in the genetic group over the time.

Keywords: hip height, *longissimus* muscle area, chest circumference, covariance structure, ordinary polynomials.

INTRODUÇÃO

No intuito de elevar a produtividade e melhorar a qualidade do produto final na pecuária, características zootécnicas podem ser medidas no mesmo animal ao longo de uma escala contínua. Para análise desses dados existem alternativas denominadas estudos de dados longitudinais, as quais investigam o efeito de tratamentos considerando, também, a evolução da variável resposta ao longo do tempo. Opções como a análise multivariada, análise de perfis, análise de covariância e equações estruturais, pressupõem dependência entre as variâncias dentro de indivíduo. Já as análises univariadas, como por exemplo: parcelas divididas no tempo, sub-parcelas divididas e curvas de crescimento não lineares, pressupõem covariâncias nulas entre resíduos.

Alguns autores, dentre eles, HALL *et al.* (1995), KUBER *et al.* (2004) e KUSEC *et al.* (2007), analisaram dados obtidos repetidamente no mesmo animal utilizando o procedimento sub-parcelas divididas, parcelas divididas no tempo e curvas de crescimento não lineares, respectivamente. Porém, esses procedimentos assumem que os erros são independentes e, geralmente, estas análises produzem resíduos correlacionados, o que implica na necessidade do emprego de metodologias apropriadas, visando aumentar a confiabilidade das estimativas para que se possam inferir com segurança sobre os resultados. No caso de medidas repetidas no mesmo indivíduo, quando a correlação de erros é ignorada, as inferências podem ou não ser distorcidas conforme o grau de homogeneidade e/ou heterogeneidade das (co)variâncias dos dados nas diferentes épocas (GILL, 1986). Segundo LITTELL *et al.* (1998), a correlação e a variância dessas medidas repetidas podem alterar-se ao longo do tempo, produzindo uma estrutura de (co)variâncias complicada, a qual requer métodos estatísticos especiais para análise. Em geral, estas correlações são maiores entre medidas tomadas mais próximas, diminuindo com o aumento da distância entre as mesmas. Desta forma, para que as inferências sobre os parâmetros estimados sejam válidas, é necessário definir a melhor estrutura de (co)variância residual

entre indivíduos, para que as correlações dentro de indivíduo sejam modeladas adequadamente, considerando ou não heterogeneidade de variâncias, dependendo da necessidade de cada conjunto de dados. Desta maneira, ao empregar modelos lineares generalizados, dois aspectos básicos devem ser considerados: primeiro, modelar a estrutura de (co)variâncias residuais que melhor se ajusta aos dados, e depois, analisar a tendência das características ao longo do tempo.

Entre as razões para realização de experimentos com medidas repetidas ao longo do tempo, destaca-se a pressuposição de que os efeitos do tratamento em uma sequência de tempo se alterem. Assim, a correlação entre as mensurações no mesmo indivíduo ao longo do tempo pode ser modelada por meio de uma estrutura de (co)variância de resíduos ou por modelos mistos, considerando a variabilidade dentro da unidade experimental (MARIGUELE *et al.*, 2011).

O objetivo deste trabalho foi comparar diferentes estruturas de (co)variâncias residuais que consideram homogeneidade ou heterogeneidade de (co)variâncias e modelar as mudanças no desenvolvimento das características de crescimento e de carcaça, obtidas por ultrassom, ao longo do tempo, em novilhas de dois grupos genéticos, dos 11 aos 17 meses de idade.

MATERIAL E MÉTODOS

As características foram medidas por um período de cinco meses, precedido por vinte dias de adaptação, em 120 novilhas com aproximadamente 11 meses de idade inicial e nascidas na mesma semana. Os animais tinham a seguinte composição racial: o primeiro grupo genético denominado SNB, foi obtido por sistema de cruzamento triplo que originou animais $\frac{1}{2}$ Braunvieh x $\frac{1}{4}$ Santa Gertrudes x $\frac{1}{4}$ Nelore; o segundo grupo genético foi denominado SN, pois foi produzido pelo cruzamento de touros Santa Gertrudes com matrizes da raça Nelore, que originou animais $\frac{1}{2}$ Santa Gertrudes x $\frac{1}{2}$ Nelore.

As novilhas foram divididas em cinco lotes, sendo que cada lote foi representado por 12 animais

de cada grupo genético e os animais foram mantidos juntos ao longo de todo período experimental. Foi utilizada uma área de 15 hectares, dividida em trinta piquetes de meio hectare cada, sendo os animais manejados em pastejo rotacionado de *Brachiaria brizantha* cv. Marandú. Devido à falta de forragem no período experimental, houve a necessidade de diminuição no número dos animais analisados, sendo retirados quatro animais de cada grupo genético, de cada lote, após a quarta mensuração, por volta dos 439 dias de idade.

As mensurações foram realizadas, mensalmente, após jejum alimentar e hídrico de 12 horas, por um único avaliador e próximas às seguintes idades: 355, 383, 412, 439 e 475 dias, sendo que as características de carcaça por ultrassom foram obtidas a partir dos 383 dias de idade.

As características de crescimento avaliadas foram: peso vivo (PS), perímetro torácico (PT) medido com auxílio de fita métrica e altura do posterior (ALT) mensurada com o auxílio de um hipômetro, com o animal contido, tomando a medida da ponta do fílo até o solo (BIF, 2010).

As características de carcaça obtidas por ultrassom em tempo real foram medidas por meio de um aparelho Pie Medical (Maastrich, Netherlands), modelo Aquila, com sonda linear de 18 cm e 3,5 MHz e um acoplador acústico. Foram medidas as características: área de olho de lombo (AOL) e espessura da gordura subcutânea (EG), ambas mensuradas na região entre a 12^a e 13^a costelas, transversalmente sobre o músculo *Longissimus dorsi*, além da espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8), medida na intersecção dos músculos *Gluteus medius* e *Biceps femoris*, localizados entre o fílo e o ísquio. Também foi analisado o Índice de Musculosidade (IM), relacionando as medidas de AOL e PS, sendo $IM (cm^2/100 \text{ kg}) = 100 \times AOL/PS$. Além disso, foi mensurada somente aos 439 e 475 dias de idade, a profundidade do músculo *Gluteus medius* (PP8), que é uma medida linear da profundidade do músculo a partir da imagem da EGP8. Maiores detalhes da característica PP8 estão descritos por REALINI *et al.* (2001).

O modelo linear generalizado empregado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + G_j + L_i \times G_j + \beta(T_{ijk} - \bar{T}) + \beta(T_{ijk} - \bar{T}) \times G_j + e_{ijk},$$

em que:
 Y_{ijk} = variável resposta (PS, ALT, PT, AOL, EG, EGP8, IM, PP8); μ = média geral da característica avaliada; L_i = efeito fixo do i-ésimo lote de manejo (1, ..., 5); G_j = efeito fixo do j-ésimo grupo genético (SNB e SN); $L_i \times G_j$ = efeito da interação

entre o lote de manejo i e o grupo genético j; β = coeficiente de regressão da variável resposta sobre a idade do animal (tempo); T_{ijk} = idade do k-ésimo animal, referente ao i-ésimo lote de manejo e ao j-ésimo grupo genético; \bar{T} = média das idades dos animais; $\beta(T_{ijk} - \bar{T}) \times G_j$ = efeito da interação entre a idade do animal ijk e o grupo genético j; e_{ijk} = erro aleatório associado à observação Y_{ijk} . Esse modelo assume que $e = \{e_{ijk}\} \sim NMV(0, R)$, isto é, o vetor de todos os resíduos segue uma distribuição normal multivariada com média nula e matriz de covariância $R = I_n \otimes \Sigma$. Neste caso, Σ determina a associação entre as medidas repetidas no mesmo indivíduo com base em estruturas de variâncias e covariâncias residuais, que consideram homogeneidade ou heterogeneidade de variâncias, descritas a seguir.

Com o objetivo de identificar estruturas de (co) variâncias mais adequadas às variações das medidas dentro de indivíduos, foram testadas estruturas de (co)variâncias residuais disponíveis no SAS (SAS Inst., Inc., Cary, NC). As estruturas de (co)variâncias residuais que consideram homogeneidade de variâncias avaliadas neste trabalho foram: Simetria Composta - CS; Auto regressiva de primeira ordem - AR(1) e Toeplitz com duas bandas - TOEP(2), sendo essas com número de parâmetros = 2. A Auto regressiva de primeira ordem com média móvel ARMA(1,1), com número de parâmetros = 3; a Toeplitz - TOEP, com número de parâmetros = t, sendo t a dimensão da matriz (número de medidas em cada animal); e a Componentes de Variância - VC, com número de parâmetros = q, sendo q o número de efeitos no modelo (neste trabalho, q = 1), também foram avaliadas.

As estruturas de (co)variâncias residuais que consideram heterogeneidade de variâncias utilizadas foram: Não estruturada - UN, com número de parâmetros igual a $[t \times (t+1)]/2$, sendo t = dimensão da matriz; a faixa na diagonal principal - UN(1), com número de parâmetros igual a $q/2 \times (2t - q + 1)$, sendo t = dimensão da matriz e q = número de efeitos no modelo; a heterogênea auto regressiva - ARH(1), com número de parâmetros t + 1; a fator analítico de primeira ordem - FA(1), com número de parâmetros igual a $q/2 \times (2t - q + 1) + t$; a huynhfeldt - HF, com número de parâmetros t + 1; a ante dependente de primeira ordem - ANTE(1), com número de parâmetros 2t - 1; a heterogênea toeplitz - TOEPH, com número de parâmetros 2t + 1; a uni-estruturada correlacionada - UNR, com número de parâmetros $[t \times (t + 1)]/2$; e a heterogênea simétrica composta - CSH, com número de parâmetros t + 1.

Primeiramente, como sugerido por DIGGLE (1988), para identificar a estrutura de (co)variância residual que melhor ajusta a variabilidade dentro de indivíduo, as características foram analisadas empregando-se modelos lineares generalizados, considerando os efeitos fixos de lote, grupo genético, interação lote e grupo genético e a idade do animal (tempo), além do efeito aleatório dentro de animal no resíduo. Após a escolha da estrutura de (co) variância residual mais adequada para ajustar a variabilidade dentro de indivíduo, comparadas com base no critério SBC (*Schwarz's Bayesian Criterion*), o efeito da idade do animal foi modelado por regressões polinomiais, até quarta ordem, para as características de carcaça e até a quinta ordem para as demais características e o grau da regressão foi comparado pelo teste F. Além disso, a interação da idade do animal com grupo genético, foi testada para avaliar a necessidade de diferentes curvas para cada grupo genético. Para a PP8 e o IM não se modelou o efeito da idade do animal como covariável e sim como efeito classificatório (fixo). As análises foram processadas por meio do procedimento MIXED do SAS pela função REPEATED (que considera variação dentro de animal no resíduo), por meio

da metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita *REML*, descrita por PATTERSON e THOMPSON (1971), utilizando uma "macro de programação", onde se definiu um modelo padrão de entrada dos dados (Y_{ijk}) testando todas as estruturas descritas anteriormente, salvando os resultados em uma tabela padrão de saída, de acordo com um conjunto de regras (Apêndice #1). Depois de estimados os coeficientes de regressão de cada característica foram preditas regressões ao longo do tempo para melhor visualizar cada efeito.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 estão apresentadas as estatísticas descritivas, número de animais, médias e desvios-padrão das características analisadas para cada grupo genético (GG), de acordo com a idade da respectiva mensuração.

Na Tabela 2 estão os valores de SBC (*Schwarz's Bayesian Criterion*), das estruturas que modelaram as (co)variâncias dentro de indivíduo para todas as características estudadas.

Ao comparar as estruturas de (co)variâncias entre

Tabela 1. Número de animais, médias e desvios-padrão das características analisadas para cada grupo genético (GG)

Característica ¹	GG ²	Idade em dias				
		355	383	412	439	475
PS (kg)	SNB	245,36 ± 19,46	257,80 ± 20,20	254,86 ± 20,51	252,15 ± 18,92	253,15 ± 19,14
	SN	229,10 ± 23,12	239,89 ± 23,31	235,93 ± 22,56	238,22 ± 20,39	239,85 ± 23,19
PT (cm)	SNB	145,38 ± 5,29	148,05 ± 5,29	149,83 ± 5,35	150,10 ± 4,08	150,62 ± 4,15
	SN	143,38 ± 5,41	145,41 ± 5,29	146,51 ± 5,12	147,72 ± 4,18	148,20 ± 4,33
ALT (cm)	SNB	117,83 ± 3,33	118,27 ± 2,61	118,32 ± 3,59	118,62 ± 2,95	118,86 ± 3,23
	SN	117,66 ± 3,22	117,83 ± 3,73	117,66 ± 3,98	118,36 ± 3,39	119,71 ± 3,49
AOL (cm ²)	SNB	*	38,09 ± 4,47	42,25 ± 5,69	41,33 ± 4,33	41,02 ± 4,64
	SN	*	34,91 ± 4,60	39,19 ± 5,59	40,18 ± 4,50	39,78 ± 5,17
EG (mm)	SNB	*	0,53 ± 0,50	1,25 ± 0,62	1,91 ± 0,66	2,08 ± 0,64
	SN	*	0,68 ± 0,59	1,29 ± 0,68	1,60 ± 0,59	1,97 ± 0,58
EGP8 (mm)	SNB	*	1,71 ± 0,88	2,31 ± 0,81	2,10 ± 0,72	1,97 ± 0,58
	SN	*	1,63 ± 0,83	2,32 ± 0,91	1,75 ± 0,43	1,78 ± 0,71
PP8 (mm)	SNB	*	*	*	58,36 ± 5,53	60,28 ± 5,32
	SN	*	*	*	57,83 ± 6,66	58,55 ± 5,39
IM (cm ² /100 kg)	SNB	*	14,82 ± 1,72	16,62 ± 2,10	16,45 ± 1,80	16,24 ± 1,73
	SN	*	14,64 ± 2,08	16,69 ± 2,43	16,93 ± 1,81	16,65 ± 2,00
Número de animais	SNB	60	60	60	40	40
	SN	59	58	58	40	40

¹PS = peso vivo; PT = perímetro torácico; ALT = altura do posterior; AOL = área de olho de lombo; EG = espessura da gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura subcutânea na garupa; PP8 = profundidade do músculo *Gluteus medius*; IM = índice de musculabilidade. ²SNB = ½ Braunvieh x ¼ Santa Gertrudes x ¼ Nelore; SN = ½ Santa Gertrudes x ½ Nelore. *Dados não coletados.

Tabela 2. Valores do critério SBC (*Schwarz's Bayesian Criterion*) de cada estrutura de (co)variância das características mensuradas

Características ¹ Estruturas ²	PS	PT	ALT	AOL	EG	EGP8	PP8	IM
UN	3886,2	2318,0	2478,5	2227,9	765,4	922,0	957,3	1540,8
UN(1)	4550,0	3086,1	2594,8	2342,8	763,2	904,9	961,3	1673,4
CS	3907,7	2374,3	2450,7*	2207,3*	751,7	905,3	954,8*	1521,7*
CSH	3920,8	2392,2	2458,6	2212,3	760,7	903,0*	957,3	1525,6
TOEP	3902,4	2312,8	2457,1	2214,1	752,2	913,4	954,8*	1530,9
AR(1)	3907,8	2305,8	2464,8	2219,6	750,9	910,0	954,8*	1547,4
VC	4532,3	3077,5	2582,2	2334,3	753,5	907,0	958,2	1665,3
TOEP(2)	4220,1	2729,9	2499,0	2257,5	750,4	910,3	954,8*	1587,9
ARH(1)	3923,2	2315,4	2475,9	2223,0	759,1	907,4	957,3	1550,2
ARMA(1,1)	3898,4	2304,1	2453,9	2209,9	746,2*	905,3	959,2	1521,7*
FA(1)	3873,2*	2363,2	2470,6	2219,0	759,5	916,0	961,7	1532,2
HF	3916,6	2384,7	2465,3	2215,8	759,1	912,7	957,3	1531,4
ANTE(1)	3893,4	2298,3*	2486,0	2230,0	767,3	914,1	957,3	1556,5
TOEPH	3915,6	2324,8	2467,2	2218,2	762,9	911,3	957,3	1534,4
UNR	3886,2	2318,0	2478,5	2227,9	765,4	922,0	957,3	1540,8

¹PS = peso vivo; PT = perímetro torácico; ALT = altura do posterior; AOL = área de olho de lombo; EG = espessura da gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura subcutânea na garupa; PP8 = profundidade do músculo *Gluteus medius*; IM = índice musculoso. ²UN = não estruturada; UN(1) = faixa na diagonal principal; CS = simetria composta; CSH = heterogênea simetria composta; TOEP = Toeplitz; AR(1) = auto regressiva de primeira ordem; VC = componentes de variância; TOEP(2) = Toeplitz com duas bandas; ARH(1) = heterogênea alto regressiva; ARMA(1,1) = auto-regressiva de primeira ordem com média móvel; FA(1) = fator analítico de primeira ordem; HF = Huynh-Feldt; ANTE(1) = ante dependente de primeira ordem; TOEPH = heterogênea toeplitz; UNR = uni-estruturada correlacionada. *Menores valores das estruturas que mais se ajustam para cada característica de acordo com o critério SBC (*Schwarz's Bayesian Criterion*).

as medidas repetidas do mesmo animal, verificou-se que, dentre as quinze estruturas testadas, todas convergiram. Na Tabela 2, observa-se que a estrutura de (co)variância CS apresentou menores valores do critério SBC para as características ALT, AOL, IM e PP8. As estruturas de (co)variância FA(1), ANTE(1), ARMA(1,1) e CSH foram as que melhor ajustaram os modelos para as características PS, PT, EG e EGP8, respectivamente.

Se fosse considerado somente o critério AIC (*Akaike's Information Criterion*) (resultados não mostrados), a estrutura UN seria a matriz de (co)variância residual de melhor ajuste dos modelos para as características ALT, EG e PS. Essa estrutura considera heterogeneidade de variâncias e covariâncias, ou seja, as mesmas mudam com o passar do tempo. A princípio, para estas características, a estrutura UN seria a melhor opção, pois modela todas as (co)variâncias. Contudo, como o critério de ajuste SBC impõe uma penalidade de acordo com o número de parâmetros estimados, sendo esse critério mais severo do que o AIC, optou-se, nas análises seguintes, pela utilização das estruturas selecionadas pelo critério

SBC. Além do mais, segundo LITTELL *et al.* (1998) existem dois grandes problemas potenciais com a utilização da estrutura UN. O primeiro é que para a estimativa de um grande número de variância e covariância (10 a 15 parâmetros na matriz de (co) variância residual) pode-se conduzir a graves problemas computacionais, especialmente com dados desbalanceados (que não é o caso deste trabalho). O segundo problema é que a estrutura UN não explora a existência de tendências das variâncias e covariâncias ao longo do tempo e, assim, muitas vezes os resultados das estimativas dos erros-padrão podem estar viesados. Contudo, neste trabalho, quando a estrutura foi estimada utilizando a matriz UN, pôde-se observar a existência de tendências das covariâncias ao longo do tempo, mas não das variâncias, sendo que a correlação e a variância não são uniformes com o passar do tempo (resultados não apresentados).

Vale salientar que, com o procedimento GLM do SAS, não é possível o emprego de diferentes estruturas de (co)variâncias residuais, assumindo necessariamente homogeneidade de variâncias e covariâncias, o que equivale utilizar a declaração

RANDOM ou REPEATED TYPE = CS do procedimento MIXED do SAS. Pelo procedimento GLM, pode-se analisar pela opção POLYNOMIAL/PRINTE, a qual gera contrastes de polinômios ortogonais para os níveis do fator tempo e gera a matriz "E", que é a matriz da soma de quadrados dos produtos cruzados para erros (SSCP). Com a opção PRINTE, o SAS apresenta o teste de esfericidade da matriz de covariâncias. Com isso, pode-se verificar a condição de esfericidade da matriz para ver se os testes envolvidos na análise (delineamento em parcelas subdivididas) são exatos. Esse procedimento equivale a ajustar a estrutura pela matriz do tipo simetria composta (CS), a qual só foi mais adequada para a ALT, AOL, IM e PP8, neste estudo. No entanto, o procedimento MIXED do SAS utiliza, por *default*, a estrutura do tipo VC que, dependendo do modelo, pressupõe homogeneidade ou hereterogeneidade de variâncias, com covariâncias iguais a zero, não considerando, desta forma, a covariância entre os tempos. Outra ressalva é que caso as distâncias entre as medidas ao longo do tempo não sejam equidistantes, poderia ser testada a matriz de (co) variância residual pela estrutura "Spatial Power" (SP(POW)(c), SAS, 2000), a qual estima apenas dois parâmetros e considera a distância entre as medidas ao longo do tempo (estrutura não testada neste trabalho).

Para a característica PP8, as estruturas CS, TOEP, TOEP(2) e AR(1) apresentaram os melhores valores de critérios de ajuste (Tabela 2). Neste caso, como só existiam duas medidas repetidas de cada animal, algumas estruturas foram iguais entre si, pois essas quatro estruturas se tornam as mesmas, e neste caso, estimaram apenas dois parâmetros cada. As estruturas CSH, ARH(1), HF, ANTE(1), TOEPH, UN e UNR estimaram três parâmetros cada, os quais foram iguais e ficaram como uma segunda opção pelos critérios de ajuste (Tabela 2). Esses resultados indicaram que o número de parâmetros estimados no modelo também pode influenciar a escolha da estrutura utilizada para modelar a (co) variância residual. Dessa maneira, nas análises seguintes onde se modelaram as mudanças no desenvolvimento das características de crescimento e de carcaça ao longo do tempo, foi utilizada para cada característica a estrutura que melhor ajustou-se ao modelo que considerou a idade como efeito fixo, pelo critério SBC.

Algumas características apresentaram diferentes estruturas de (co)variância, indicando a importância de testar diferentes estruturas de (co)variâncias residuais em análises de medidas

repetidas, para que a variabilidade dentro de animal seja modelada corretamente, conduzindo desta maneira, a estimativas de parâmetros mais confiáveis. Segundo LITTELL *et al.* (1998), a escolha da estrutura de (co)variâncias para os resíduos é importante porque os erros-padrão das médias são dependentes desta escolha.

Os efeitos fixos de lote e a interação lote e grupo genético não influenciaram significativamente ($P>0,05$) qualquer das características. O efeito de grupo genético afetou significativamente ($P<0,001$) somente as características ALT, PS, PT, PP8 e AOL.

A idade como covariável influenciou significativamente ($P<0,001$) todas as medidas com os efeitos linear e quadrático, com exceção da EGP8 que foi influenciada significativamente ($P<0,001$) por uma função cúbica. O fator idade, como efeito classificatório, afetou significativamente ($P<0,001$) a característica PP8 e IM. A interação da idade com grupo genético não foi significativa apenas para as características IM, PP8, EG e EGP8, indicando que para as características ALT, PS, PT e AOL, duas funções devem ser ajustadas, uma para cada grupo genético (Figuras 1a, 1b, 2 e 3b).

Nas Figuras 1a e 1b estão, respectivamente, representadas as medidas de peso e perímetro torácico em função da idade, para as novilhas dos grupos genéticos SNB e SN. Os animais do grupo genético SNB apresentaram maiores pesos e perímetros torácicos do início (355 dias de idade) ao fim do experimento (475 dias de idade), quando comparados aos SN. Embora estes animais (SNB) sejam os mais pesados, foram os que mais sofreram com o período da seca, sendo que em média, esses animais apresentaram queda no peso por volta de 430 dias de idade. Contudo, as diferenças em perímetros torácicos estimados entre os dois grupos genéticos apresentaram pequeno aumento de desenvolvimento no período que corresponde ao final das mensurações (Figura 1b). Outro fato relevante foi a queda do desenvolvimento dessas características (PS e PT) ao redor dos 415 dias de idade (Figuras 1a e 1b) que pode ser atribuída, provavelmente, à menor oferta ou ao baixo valor nutritivo das pastagens na estação do outono, fato típico em regiões tropicais, fazendo com que os dois grupos não apresentassem seu real potencial genético, sendo os animais do grupo genético SNB os mais afetados por esta restrição alimentar, pelo menos para a característica peso vivo. Em áreas tropicais, PÁDUA *et al.* (2004) também observaram maiores ganhos médios diários e pesos médios em torno do abate, em animais do grupo genético contendo genes de pelo menos uma raça

continental em sua formação (zebuínos x taurinos), quando comparados com os animais oriundos de cruzamentos de raças britânicas e zebuínas. Os resultados do presente trabalho indicaram que as novilhas ½ Braunvieh x ¼ Santa Gertrudes x ¼ Nelore, compostas por maior fração de genes de raças continentais em relação às britânicas, apresentaram maiores médias de AOL (Figura 3a), PS e PT (Figuras 1a e 1b) durante as idades compreendidas entre o ano e sobreano.

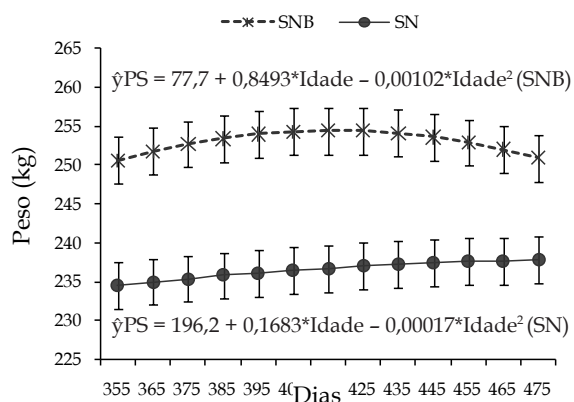


Figura 1a. Valores estimados do peso em função da idade do animal, para os grupos genéticos ½ Braunvieh x ¼ Santa Gertrudes x ¼ Nelore (SNB) e ½ Santa Gertrudes x ½ Nelore (SN).

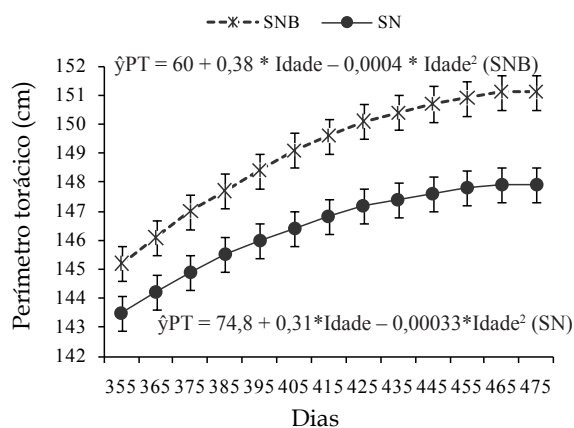


Figura 1b. Valores estimados do perímetro torácico em função da idade do animal, dos grupos genéticos ½ Braunvieh x ¼ Santa Gertrudes x ¼ Nelore (SNB) e ½ Santa Gertrudes x ½ Nelore (SN).

Na Figura 2 estão as medidas estimadas da ALT em função da idade, além de suas respectivas equações de regressão, para as novilhas dos grupos genéticos (SNB e SN). O aumento na altura do posterior de ambos os grupos genéticos com a idade foi pequeno, com acréscimos inferiores a 2,5 cm ao longo de todo o período estudado. O pequeno aumento de ALT com a idade pode estar relacionado à fase de desenvolvimento em que os animais foram medidos, pois o tecido ósseo é o que apresenta desenvolvimento mais precoce, seguido pelo crescimento dos tecidos muscular e gorduroso, nessa ordem de ocorrência (OWENS *et al.*, 1993). Outro fato relevante é que no início das mensurações, os animais SNB apresentaram maiores valores médios da ALT em relação aos animais SN, sendo que as médias dos dois grupos igualaram-se aos 425 dias de idade. Contudo, no final do período (475 dias de idade) esses valores médios se invertem. Arango *et al.* (2002) e ARANGO *et al.* (2004) estudando o efeito dos cruzamentos entre raças, verificaram diferenças de até 14 cm na característica ALT nas vacas com genes Brahman e Nelore em relação as vacas que continham apenas genes de origem taurina, sendo que das raças europeias, apenas os cruzamentos com Charolês apresentaram médias similares de ALT aos cruzamentos com a raça Nelore. Os resultados do presente trabalho são suportados pelo fato de que, em áreas tropicais, animais de origem zebuína, estão sendo fortemente selecionados para peso em diversas idades, conduzindo ao aumento da ALT por resposta correlacionada. Segundo Yokoo *et al.* (2007), os pesos têm positiva e moderada correlação genética com a ALT, variando de 0,35 a 0,49, na raça Nelore, sendo que a ALT não vem sendo incorporada nos critérios e índices de seleção.

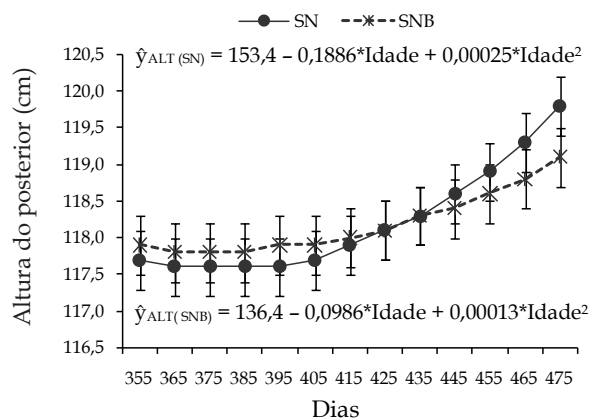


Figura 2. Valores estimados da altura do posterior em função da idade das novilhas, dos grupos genéticos ½ Braunvieh x ¼ Santa Gertrudes x ¼ Nelore (SNB) e ½ Santa Gertrudes x ½ Nelore (SN).

A característica PP8 também apresentou aumento significativo ($P < 0,001$) de 1,4 cm entre a medida realizada aos 439 e 475 dias de idade. Segundo REALINI *et al.* (2001), a PP8 não é a fonte de variação mais importante em termos de melhora do coeficiente de variação para estimar equações de predição de rendimentos de cortes cárneos e de carcaça, contudo, essa característica aliada a medida da EGP8, melhora em torno de 10% a acurácia dessas equações. Ao contrário da AOL (Figura 3a) e do IM, a PP8 apresentou um aumento entre os 439 e 475 dias de idade. A maioria dos estudos é realizada no músculo *Longissimus dorsi* devido ao seu ímpeto de crescimento que melhor representa a carcaça como o todo (BERG e BUTTERFIELD, 1976). Porém, outros músculos também podem ajudar a cumprir o mesmo papel e contribuir para inferência da qualidade da carcaça, dentre eles o *Gluteus medius*, no entanto, estudos a respeito da correlação desta medida com o rendimento de cortes cárneos e de carcaça são necessários.

Uma vez que o efeito do grupo genético e a interação idade com grupo genético não foram significativos ($P > 0,05$) para as características EG e EGP8, na Figura 3b estão apresentadas as medidas de espessuras de gorduras subcutâneas estimadas em função da idade, por uma equação de regressão média. Pode-se observar que as espessuras de gorduras subcutâneas aumentaram em função da idade do animal, sendo que a EGP8 foi superior à EG, até próximo dos 450 dias de idade, indicando que a deposição de gordura na garupa começa a se desenvolver mais precocemente do que a EG. Após essa idade, os valores estimados mantiveram-se praticamente os mesmos, havendo uma tendência não significativa de inversão de valores, o que pode ser reflexo da condição do pasto a que os animais foram submetidos durante o período estudado. Outra hipótese, além da característica da pastagem onde os animais foram manejados, pode ser a diferença na ordem das deposições de gordura dos animais. Segundo TAIT (2002), a deposição de gordura na região das costelas é menor que na garupa, pelo menos até os animais atingirem certa idade, e que, após isso, essa deposição é invertida, ocorrendo mais acentuadamente nas costelas, tendo a deposição de gordura subcutânea na garupa, um desenvolvimento menor. YOKOO *et al.* (2008), estudando animais da raça Nelore, machos e fêmeas, em regime alimentar de pastagem e pastagem com suplementação, também observaram que a deposição de gordura na garupa ocorre mais precocemente que nas costelas, mas de forma

linear dos 450 aos 599 dias de idade. Contudo, no presente trabalho, as duas características de espessura de gordura (EG e EGP8) apresentaram queda de desenvolvimento a partir dos 433 dias de idade, indicando que essas características são influenciadas pelo manejo alimentar, pelo menos em áreas tropicais.

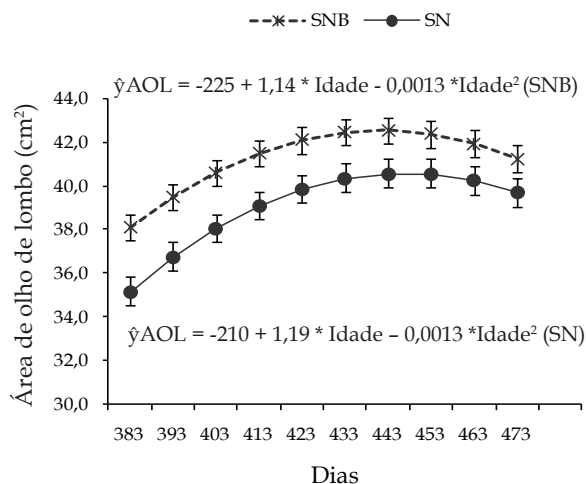


Figura 3a. Valores estimados da área de olho de lombo em função da idade do animal, dos grupos genéticos $\frac{1}{2}$ Braunvieh x $\frac{1}{4}$ Santa Gertrudes x $\frac{1}{4}$ Nelore (SNB) e $\frac{1}{2}$ Santa Gertrudes x $\frac{1}{2}$ Nelore (SN).

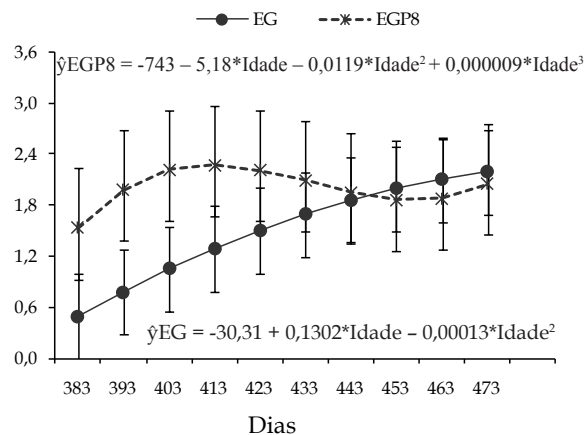


Figura 3b. Valores estimados da espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) e da espessura de gordura subcutânea entre as costelas (EG) em função da idade das novilhas.

Na Figura 3a estão apresentadas as medidas de AOL estimadas em função da idade, para cada composição genética de fêmeas bovinas, além de suas respectivas equações de regressão. Os animais do grupo genético SNB tiveram maiores AOL preditas do que os SN, ao longo do tempo. Esta diferença foi mais acentuada em idades mais jovens, próximo aos 383 dias, com tendência de diminuição com o avanço da idade (483 dias de idade). Analisando características de carcaça em novilhas da raça Angus, WILSON *et al.* (1999) também relataram que a idade, como um efeito linear, ou peso dividido pela idade influenciaram significativamente a AOL, EG e EGP8, sendo o efeito quadrático, significativo apenas para AOL. Em áreas tropicais, Yokoo *et al.* (2008) observaram aumento praticamente linear da AOL entre os 450 e 599 dias de idade, em animais da raça Nelore.

O IM é uma medida de AOL expressa em relação ao peso vivo do animal, sendo uma forma de indicar a musculabilidade corrigida pelo peso vivo. Os valores médios estimados de IM foram $14,73 \pm 0,19$, $16,65 \pm 0,19$, $16,74 \pm 0,21$ e $16,50 \pm 0,21$ cm²/100 kg, para as novilhas, respectivamente aos 383, 412, 439 e 475 dias de idade. Esses resultados estão de acordo com o esperado em termos fisiológicos. OWENS *et al.* (1993) definem o crescimento como o aumento da massa dos tecidos corporais, seja pela produção e multiplicação de novas células, o que caracteriza a hiperplasia, ou pelo aumento do tamanho das células existentes (hipertrofia). Por definição, o crescimento inclui também a deposição de gordura, além do tecido muscular que é de prioritário interesse em sistemas de produção de carne. Desta forma, o peso acumulado do animal em relação a sua idade, ou seja, o crescimento, segue uma curva sigmoide. Esta curva é composta por uma fase pré-puberdade de auto-aceleração e de outra, pós-puberdade de auto-inibição (OWENS *et al.*, 1993), que geralmente, em bovinos, é quando as novilhas se aproximam da maturidade, fato que foi confirmado por esses resultados. No presente trabalho, o IM aumentou somente dos 383 até os 412 dias de idade (1ª fase de crescimento), sendo que após essa idade, praticamente não houve variabilidade no IM, indicando que o crescimento da AOL (Figuras 1a e 3a), desenvolve-se proporcionalmente ao peso. Assim, como um dos fatores mais importantes para determinação do peso de abate é a eficiência de ganho de peso nas várias fases da curva de crescimento, a característica IM indicou que entre os 383 e 412 dias de idade deve-se usufruir ao máximo do crescimento dos tecidos musculares.

Embora diferenças significativas ($P < 0,05$) entre os dois grupos genéticos tenham ocorrido tanto para PS como para AOL, o mesmo não ocorreu para IM. Como IM é definida pela razão entre AOL e PS, provavelmente, o efeito de grupo genético tenha sido anulado, ao menos parcialmente, uma vez que os grupos maior AOL foram os que tiveram também um maior PS (Figuras 1a e 3a).

CONCLUSÃO

Os resultados indicam que para o estudo de medidas repetidas, deve-se considerar uma matriz de estrutura para modelar a heterogeneidade das variâncias e covariâncias residuais dentro de indivíduo, de acordo com cada estrutura de dados para melhor representar os parâmetros de desenvolvimento ao longo do tempo.

A espessura de gordura subcutânea na garupa começa a ser depositada antes que a espessura de gordura na costela, independentemente do grupo genético.

O índice musculabilidade indica que, para melhor explorar o potencial de crescimento das novilhas, em termos de composição da carcaça (musculabilidade) para produção de carne, deve-se explorar melhor a 1ª fase de crescimento, que vai até 412 dias de idade, aproximadamente.

REFERÊNCIAS

- ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Breed comparisons of angus, brahman, hereford, pinzgauer, sahiwal, and tarentaise for weight, weight adjusted for condition score, height, and body condition score. **Journal of Animal Science**, v.80, p.3142-3149, 2002.
- ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Comparisons of Angus, Charolais, Galloway, Hereford, Longhorn, Nelore, Piedmontese, Salers, and Shorthorn breeds for weight, weight adjusted for condition score, height, and condition score of cows. **Journal of Animal Science**, v.82, p.74-84, 2004.
- BERG, R.T.; BUTTERFIELD, R.M. **New concepts of cattle growth**. New York: Sydney University, 1976. 240p.
- BIF - BEEF IMPROVEMENT FEDERATION. **Guidelines for uniform beef improvement programs**. 9th ed. Raleigh: North Carolina State University, 2010. p.27-30.
- DIGGLE, P.J. An approach to the analysis of repeated measurements. **Biometrics**, v.44, p.959-971, 1988.

- GILL, J.L. **Design and analysis of experiments in the animal and medical sciences**. Ames: The Iowa State University Press, 1986. 301p.
- HALL, J.B.; STAIGMILLER, R.B.; BELLOWS, R.A.; SHORT, R.E.; MOSELEY, W.M.; BELLOWS, S.E. Body composition and metabolic profiles associated with puberty in beef heifers. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3409-3420, 1995.
- KUBER, P.S.; BUSBOOM, J.R.; HUFF-LONERGAN, E.; DUCKETT, S.K.; MIR, P.S.; MIR, Z.; MCCORMICK, R.J.; DODSON, M.V.; GASKINS, C.T.; CRONRATH, J.D.; MARKS, D.J.; REEVES, J.J. Effects of biological type and dietary fat treatment on factors associated with tenderness: I. Measurements on beef longissimus muscle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.770-778, 2004.
- KUSEC, G.; BAULAIN, U.; KALLWEIT, E.; GLODEK, P. Influence of MHS genotype and feeding regime on allometric and temporal growth of pigs assessed by magnetic resonance imaging. **Livestock Science**, v.110, p.89-100, 2007.
- LITTELL, R.C.; HENRY, P.R.; AMMERMAN, C.B. Statistical Analysis of repeated measures data using SAS procedure. **Journal of Animal Science**, v.76, p.1216-1231, 1998.
- MARIGUELE, K.H.; RESENDE, M.D.V.; VIANA, J.M.S.; SILVA, F.F.; SILVA, P.S.L.; KNOP, F.C. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.1657-1664, 2011.
- OWENS, F.N.; DUBESKI, P.; HANSON, C.F. Factors that alter growth and development of ruminants. **Journal of Animal Science**, v.71, p.3138-3150, 1993.
- PADUA, J.T.; MAGNABOSCO, C.U.; SAINZ, R.D.; MIYAGI, E.S.; PRADO, C.S.; RESTLE, J.; RESENDE, L.S. Genótipo e condição sexual no desempenho e nas características de carcaça de bovinos de corte superjovens. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.2330-2342, 2004. Suplemento 3.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. **Biometrics**, v.58, p.545-554, 1971.
- REALINI, C.E.; WILLIAMS, R.E.; PRINGLE, T.D.; BERTRAND, J.K. Gluteus medius and rump fat depths as additional live animal ultrasound measurements for prediction retail product and trimmable fat in beef carcasses. **Journal of Animal Science**, v.79, p.1378-1385, 2001.
- TAIT, R.G. **Prediction of retail product and trimmable fat in beef cattle using ultrasound or carcass data**. 2002. 104f. Thesis (Doctor) - Iowa State University, Ames, 2002.
- WILSON, D.E.; ROUSE, G.H.; HAYS, C.L. **Real-time ultrasound trait age adjustment factors for replacement Angus heifers**. Ames: Iowa State University, 1999. (Beef Research Report A.S. Leaflet, R1627).
- YOKOO, M.J.; ORTELAN, A.A.; SARMENTO, J.L.R.; ALBUQUERQUE, L.G.; RESENDE, K.T.; REIS, R.A.; TEIXEIRA, I.A.M.A.; ROSA, G.J.M. Estudo de características de crescimento e de carcaça medidas por ultra-sonografia em novilhas de dois grupos genéticos. **Ciência Animal Brasileira**, v.9, p.948-957, 2008.
- YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B.; SAINZ, R.D.; CARNEIRO JÚNIOR, J.M.; BEZERRA, L.A.F.; ARAUJO, F.R.C. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1761-1768, 2007.

Apêndice # 1 (Programação em “macro” no programa SAS):

```

DATA Arquivo; RUN;
* Utilizando a MACRO para a análise;
%MACRO MIX(NOME,SIGMA);
PROC MIXED DATA=Arquivo
MAXITER=500;
CLASS Animal Lote GrupoGenetico Idade;
MODEL Característica=Lote GrupoGenetico
Lote×GrupoGenetico GrupoGenetico×Idade;
MAKE ‘FITTING’ OUT=
&NOME(RENAME=(VALUE=V_&NOME));
REPEATED Idade / TYPE=&SIGMA
SUB=Animal R RCORR; RUN;
%MEND MIX;
%MIX(MUN,UN);
%MIX(MCS,CS);
%MIX(MFA1, FA(1));
%MIX(MAR, AR(1));
%MIX(MARH1, ARH(1));
%MIX(MUNR, UNR);
%MIX(MUN1, UN(1));
%MIX(MCSH, CSH);
%MIX(MTOEP, TOEP);
%MIX(MVC,VC);
%MIX(MTOEP2, TOEP(2));
%MIX(MARMA, ARMA(1,1));
%MIX(MHF, HF);
%MIX(MANTE1, ANTE(1));
%MIX(MTOEPH, TOEPH);
* imprimindo os resultados para comparar o
SBC;
DATA Resultado;
MERGE MFA1 MUN MARH1 MUNR MUN1
MCS MCSH MTOEP
MVC MAR MTOEP2 MARMA MHF
MANTE1 MTOEPH;
PROC PRINT DATA=Resultado; RUN;

```