



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
CENTRO AGROPECUÁRIO
NÚCLEO DE ESTUDOS EM CIÊNCIA ANIMAL
EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA -
AMAZÔNIA ORIENTAL
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA

CURSO DE MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL

Adriana Maciel de Castro Cardoso

**INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE PARA A PRODUÇÃO DE
LEITE NA ESPÉCIE BUBALINA UTILIZANDO INFERÊNCIA
BAYESIANA POR MEIO DE AMOSTRADORES DE GIBBS**

Belém

2005



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
CENTRO AGROPECUÁRIO
NÚCLEO DE ESTUDOS EM CIÊNCIA ANIMAL
EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA –
AMAZÔNIA ORIENTAL
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA

CURSO DE MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL

Adriana Maciel de Castro Cardoso

**INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE PARA A PRODUÇÃO DE
LEITE NA ESPÉCIE BUBALINA UTILIZANDO INFERÊNCIA
BAYESIANA POR MEIO DE AMOSTRADORES DE GIBBS**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Pará, da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Amazônia Oriental e da Universidade Federal Rural da Amazônia, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal. Área de concentração: Produção Animal.

Orientador: Dr. Cláudio Vieira de Araujo

Belém

2005



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
CENTRO AGROPECUÁRIO
NÚCLEO DE ESTUDOS EM CIÊNCIA ANIMAL
EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA
CURSO DE MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL

Adriana Maciel de Castro Cardoso

**INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE PARA A PRODUÇÃO DE
LEITE NA ESPÉCIE BUBALINA UTILIZANDO INFERÊNCIA
BAYESIANA POR MEIO DE AMOSTRADORES DE GIBBS**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em
Ciência Animal da Universidade Federal do Pará, da Empresa
Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Amazônia Oriental e da
Universidade Federal Rural da Amazônia, como requisito
parcial para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.
Área de concentração: Produção Animal.

Data : 21 / 12 / 2005

Banca Examinadora:

Elyzabeth da Cruz Cardoso / Doutora

José de Brito Lourenço Júnior / Doutor

Belém

2005

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	05
2	REVISÃO DE LITERATURA	08
2.1	BUBALINOS	08
2.2	INTERAÇÃO GENOTIPO x AMBIENTE	09
2.3	PROCESSO DE AVALIAÇÃO GENÉTICA ANIMAL	20
2.3.1	Teoria dos modelos mistos	20
2.4	INFERÊNCIA BAYESIANA	24
2.4.1	Amostrador de Gibbs (Gibbs Sampling)	26
3	MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1	MATERIAL	28
3.2	MÉTODOS	29
3.3	MODELOS	29
3.3.1	Análise que considera a produção de leite em cada classe de desvio-padrão fenotípico como característica distinta	33
3.3.2	Correlação entre os valores genéticos	37
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4.1	CADEIAS DE GIBBS	39
4.2	ANÁLISE DE CARACTERÍSTICAS SIMPLES E CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS	40
4.3	SOLUÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DOS ANIMAIS	44
5	CONCLUSÕES	48
	REFERÊNCIAS	49

Lista de Tabelas

Tabela 1	Médias, desvio-padrão (D.P.), coeficientes de variação (C.V.) e números de lactações para produção de leite, em cada classe de desvio-padrão e em análise geral	38
Tabela 2	Distribuição do número de lactações (N), médias e desvio-padrão (DP) para a produção de leite em cada mês de parto	38
Tabela 3	Médias posteriores para os componentes de variância genética aditiva (V_a), ambiente permanente (V_p), ambiente temporário (V_e), estimativas de herdabilidade e repetibilidade para produção de leite em situações com diferentes tamanhos de cadeia de Gibbs.	40
Tabela 4	Médias posteriores para os componentes de variância genética aditiva (V_a), ambiente permanente (V_p) e ambiente temporário (V_e) para produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral	41
Tabela 5	Valores para herdabilidade (h^2), parâmetro ambiental permanente (c^2) e parâmetro ambiental temporário (e^2)	41
Tabela 6	Identificação do reprodutor, número de registros (NR), número de filhas (NF) e valores genéticos em cada classe de desvio-padrão fenotípico (VG) e em análise geral (VGG)	44
Tabela 7	Correlação de Spearman e de Pearson (acima e abaixo da diagonal, respectivamente) para todos o reprodutores e para os dez melhores selecionados ignorando-se a heterogeneidade de variância	45
Tabela 8	Correlação de Spearman e de Pearson (acima e abaixo da diagonal, respectivamente) para 10, 20, 30, 40,50 e todas as fêmeas melhores selecionadas ignorando-se a heterogeneidade de variância	47

RESUMO

Com o objetivo de verificar a existência da interação genótipo x ambiente, sob a forma de heterogeneidade de variâncias para a produção de leite na espécie bubalina e o seu impacto na avaliação genética dos animais, utilizando a inferência Bayesiana por meio de Amostrador de Gibbs, foram utilizados 5.484 registros de produção de leite referentes à produções de 2.994 búfalas predominantemente Murrah, filhas de 150 reprodutores, acasalados com 1130 matrizes, cujos partos ocorreram entre os anos de 1974 e 2004. Os registros foram provenientes do Programa de Melhoramento Genético dos Bubalinos (PROMEBUL) com a adição de registros provenientes do rebanho da EMBRAPA Amazônia Oriental -EAO, localizada em Belém, Pará. Foram estabelecidas classes de rebanho-ano de parto e de acordo com o desvio padrão de cada classe, os registros de produção de leite foram classificados em classes de alto e baixo desvio-padrão fenotípico. Posteriormente, os dados foram analisados desconsiderando e considerando as classes de desvio-padrão. O modelo utilizado empregou os efeitos fixos referentes às classes de rebanho-ano, mês de parto e covariáveis idade da fêmea ao parto e duração da lactação, além do efeito aleatório de animal, ambiente permanente e ambiente temporário. Para os efeitos fixos, foi assumido distribuição à priori uniforme e para os componentes de (co)variâncias foram assumidas distribuições priori qui-quadrado inversa e Wishart invertida. As médias observadas e desvio-padrão para produção de leite nas classes de alto e baixo desvio-padrão e em análise geral, foram iguais a $1870,21 \pm 758,78$, $1900,50 \pm 587,76$ e $1885,48 \pm 677,98$, respectivamente. As médias posteriores para os componentes de variâncias foram maiores na classe de alto desvio-padrão. A herdabilidade obtida na classe de alto desvio-padrão foi próxima do valor observado na análise geral e inferior ao valor encontrado na classe de baixo desvio-padrão fenotípico. A correlação genética para produção de leite entre as classes de desvio-padrão foi igual a 0,58. As correlações de Spearman entre os valores genéticos para a produção de leite obtidos em análise geral com os valores obtidos nas classes de alto e baixo desvio padrão foram iguais a 0,94 e 0,93, respectivamente, para todos os reprodutores. Para uma amostra dos 10 melhores reprodutores, as mesmas correlações foram iguais a 0,94 e 0,47, respectivamente. Tais resultados revelam presença de heterogeneidade de variâncias entre rebanhos e esta heterogeneidade de variâncias é

resultante de fatores ambientais, que podem levar a uma classificação errônea dos melhores reprodutores geneticamente para a produção leite.

ABSTRACT

With the objective to verify the existence of the interaction genotype X environment, under the form of heterogeneity of variances for the milk production in buffaloes and its impact in the genetic evaluation of the animals, using the Bayesian inference by means of Gibbs Sampler, form used 5,484 registers of referring milk production to the productions of 2.994 females predominantly Murrah, calves of 150 sires, mated with 1130 matrices, whose birth had occurred between the years of 1974 and 2004. The records had been proceeding from the Programa de Melhoramento Genético de Bubalinos (PROMEBUL) with the addition of records proceeding from the flock of the EMBRAPA Amazônia Oriental - EAO, located in Belém, Pará, State. Class of herd-year of birth had been established and in accordance with the standard deviation of milk production of each class had been classified in class of high and low phenotypic standard deviation. Later the data had been analyzed disregarding and considering the standard deviations class. The used model used the referring fixed effect to the herd-year class, month of parity and covariable age of the female to the birth and length of the lactation, beyond the random effect of animal, permanent environment and temporary environment effects. For the fixed effect uniform was assumed distribution to priori and for the components of (co)variances, had been assumed distributions priori inverse qui-square and inverted Wishart. The observed averages and shunting line-standard for milk production in the class of high, low standard deviation and in general analysis, had been equal $1870,21 \pm 758,78$, $1900,50 \pm 587,76$ and $1885,48 \pm 677,98$, respectively. The posterior averages for the components of variances had been bigger in the classroom of high standard deviation. The genetic correlation for milk production between standard deviation classes was equal the 0,58. The correlations of Spearman between the breeding values for the milk production obtained in general analysis with the values in the class of high and low standard deviation were 0,94 and 0,93, respectively, for all the sires. For one it shows of the 10 better sires, the same correlations had been equal 0,94 and 0,47, respectively. Such results disclose presences of heterogeneity of variances between herds and this heterogeneity of variances is resultant of environmental factors, that can take to a wrong classification of the breeding value to best sires for the production milk.

INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE PARA A PRODUÇÃO DE LEITE NA ESPÉCIE BUBALINA UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA POR MEIO DE AMOSTRADORES DE GIBBS

1 INTRODUÇÃO

O búfalo é originário dos continentes asiático e africano, e se difundiu para praticamente todos os continentes. O rebanho nacional é composto pelas raças Carabao, Jafarabadi, Mediterrâneo, Murrah, tipo Baio e seus cruzamentos. O interesse na exploração nacional do potencial leiteiro desses animais vem rapidamente se difundindo em diversas regiões do país, particularmente nas regiões Norte, Sul, Sudeste, e mais recentemente no Nordeste, onde já se observam inúmeros rebanhos sob exploração leiteira, confirmando a tendência atual de considerá-lo uma espécie de dupla aptidão.

De acordo com Tonhati (1997), a quase totalidade dos criatórios adota um regime extensivo, caracterizado pela falta de controle zootécnico, sanitário e nutricional, desconhecendo o desempenho dos búfalos quanto ao ganho em peso, produção e qualidade do leite e características reprodutivas. Pesquisas com esses animais, como produtores de leite, vêm ganhando força, porém, muitos estudos ainda necessitam ser realizados.

No Brasil, Tonhati *et al.*, (2000) encontraram média de produção de leite de 1.259,47 \pm 523,09 kg, em rebanhos explorados no estado de São Paulo. Os autores comentam que a produção de leite por lactação pode variar de 500 até 4.000 kg de leite, e a duração da lactação de 260 até 327 dias, sendo bastante influenciada pelo manejo adotado.

Costa *et al.*, (2000) cita que, a variação na produção de leite entre e dentro de raças indica que essa característica depende da expressão de um conjunto de genes e de suas

interações com o meio ambiente. Para a produção de leite, as estimativas de herdabilidade variam de 0,23 a 0,36, indicando que a seleção pode ser um método eficiente para promover o melhoramento nos rebanhos.

A grande variabilidade do potencial produtivo destes animais explorados em diferentes ambientes é um possível referencial sobre a existência da interação genótipo x ambiente.

A discussão sobre o melhor ambiente para se praticar a seleção dos animais já ocorre desde a década de 40, quando haviam opiniões divergentes sobre o assunto. Lush (1945), por exemplo, defendia a opinião de que os animais deveriam ser selecionados no ambiente em que seriam criados, pois somente dessa forma se daria a chance necessária para que os genes de interesse se expressassem. Hammond (1947), no entanto, defendia o ponto de vista de que os animais deveriam ser selecionados em ambientes melhores, para que pudessem expressar as características de interesse, minimizando, assim, a influência do ambiente.

Geralmente, num sistema de avaliação genética, assume-se homogeneidade das variâncias genética e residual para todos os ambientes. Esta pressuposição pode não ser verdadeira quando as condições ambientais são heterogêneas ou quando os desempenhos são obtidos durante um longo período de tempo, levando a existência de interação genótipo x ambiente.

As avaliações genéticas de animais, realizadas em nível nacional, podem levar a grande diferenciação entre os ambientes, em relação à média de produção, e à variância fenotípica. Sob essas condições, até mesmo os procedimentos de avaliação genética que fornecem soluções com propriedades de melhor predição linear não-viesada (BLUP), estão

sujeitos a erros, podendo comprometer o progresso genético esperado pela seleção, quando realizada entre rebanhos.

Variâncias heterogêneas entre ambientes e aumento da variância, de acordo com o aumento dos níveis de produções dos mesmos, têm sido verificados por vários autores, como De Veer & Van Vleck (1987), Boldman & Freeman (1990), Dong & Mao (1990), Torres (1998) e Araújo (2000).

A teoria de modelos mistos tem sido um padrão para a avaliação de animais. Embora sendo de consenso a vantagem de seu uso no melhoramento animal, a abordagem clássica de modelos mistos requer o conhecimento prévio dos componentes de (co) variâncias que serão utilizados na predição dos valores genéticos.

No melhoramento genético animal a pressuposição para distribuição normal dos efeitos aleatórios genéticos e não-genéticos é adotada nos métodos de estimação de componentes de (co) variâncias, fato este que em grandes amostras é fácil de verificar (teorema do limite central). Mas em amostras pequenas, a distribuição pode não se aproximar da normal, ou pode se tratar de uma normal contaminada, tornando a análise muito sensível à presença de observações discrepantes. Esse aspecto pode ser contornado pela inferência bayesiana, a qual consiste em uma abordagem que trata os parâmetros populacionais como variáveis aleatórias. Além disso, a inferência bayesiana apresenta a grande vantagem adicional de permitir a incorporação de informações passadas (“a priori”), caso existam, enriquecendo o processo de inferência. No caso de grandes amostras, essa vantagem tem pouco reflexo no resultado final, uma vez que a função de verossimilhança passa a ter maior importância que a densidade “a priori”.

Este estudo objetivou verificar a existência da heterogeneidade de variâncias para a produção de leite em bubalinos da raça Murrah e determinar o seu impacto na avaliação genética dos animais, utilizando a inferência Bayesiana por meio de amostradores de Gibbs.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 BUBALINOS

A bubalinocultura, hoje distribuída por vários estados brasileiros, se constitui numa alternativa viável de produção de leite e carne. Além disso, não é raro encontrar entre nós o búfalo sendo utilizado como animal de tração, como se faz em muitos dos países asiáticos, se constituindo num animal de múltiplas funções. O Brasil possui hoje, aproximadamente, três milhões de animais que crescem a uma taxa de aproximadamente 12% ao ano. Foram introduzidos no início do século passado e encontraram o seu mais perfeito ecótipo para se multiplicarem. A sua alta habilidade de adaptação, resistência às doenças infecto-contagiosas e parasitárias, rusticidade, prolificidade, longevidade, precocidade e a qualidade de sua carne e leite, despertaram o interesse dos empresários que reconheceram neles uma das mais viáveis alternativas de produção desses produtos (PROMEBUL,2004).

Diversos estudos realizados na Índia relataram médias de produção de leite variando de 1.131,00 kg a 2.544,58 kg, em animais de diferentes raças (BASU & GHAI, 1978; MATHUR & MATHUR, 1992). Em estudo mais recente envolvendo 10.663 lactações de búfalas italianas, Rosati & Van Vleck (1998) encontraram produção média de

2.286,8±492,1 kg de leite. As médias referentes a rebanhos nacionais observadas na literatura foram, com poucas exceções, inferiores a essas (VILLARES *et al.*, 1979; MARQUES, 1991; VASCONCELLOS & TONHATI, 1998; TONHATI *et al.*, 1998).

Trivini *et al.*, (2001) observaram em registros de 1.164 animais da raça Murrah, mantidos em fazendas militares na Índia, uma produção média de 1.627±24 kg de leite. Na Itália, Rosati & Van Vleck (2002) encontraram uma estimativa média da produção de leite em uma população de búfalos de rio de cerca de 2.286,8±492,1 kg. Badran *et al.* (2002), observaram em 606 registros de 307 animais criados na Universidade de Alexandria no Egito, uma produção média para produção de leite aos 305 dias de 1541,2 kg.

A herdabilidade para a produção de leite estimada por Sharma & Singh (1988), na primeira lactação, foi 0,29±0,13 e por Kuralkar & Raheja (1997), 0,22±0,05. As estimativas obtidas por Rosati & Van Vleck (1998) e Tonhati & Vasconcellos (1998) foram 0,14 e 0,25, respectivamente. Na Índia, GOGOI *et al.*, (1985), trabalhando com lactações de 332 animais Murrah, encontraram estimativa de repetibilidade para a produção de leite igual a 0,56±0,15. Na mesma raça, Umrikar & Deshpande (1985) e Gurnani *et al.* (1976) relataram estimativas de 0,35±0,02 e 0,44±0,06 e 0,26, respectivamente. A repetibilidade, estimada por Marques (1991), para produção de leite por lactação, foi de 0,456±0,048. Tonhati & Vasconcellos (1998) encontraram resultado semelhante (0,42).

2.2 INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE

Considerando o valor médio de herdabilidade verificado em literatura, pode-se considerar que nas populações existe suficiente variação genética entre os indivíduos para aplicação dos métodos de seleção. No entanto, observa-se, também, que, em função das

diferentes populações, épocas e regiões, os valores do coeficiente de herdabilidade para a produção de leite são bastante variados, evidenciando uma possível presença de interação genótipo X ambiente.

A interação genótipo x ambiente é de interesse para o melhoramento genético animal. Falconer (1952) considerou o desempenho de uma mesma característica, em dois ambientes diferentes, como características distintas, com correlações genéticas entre elas. Se a correlação genética for alta, o desempenho nos dois ambientes representará, aproximadamente, o mesmo caráter, determinado pelo mesmo grupo de genes e, se não houver circunstâncias especiais que afetam a herdabilidade ou a intensidade de seleção, haverá pequena diferença no ambiente em que a seleção for realizada; se for baixa, as características são consideradas diferentes e alto desempenho ou baixo desempenho exigirão grupos diferentes de genes. Então, seria mais vantajoso conduzir a seleção no ambiente onde a população deve viver a menos que a herdabilidade ou a intensidade de seleção, no outro ambiente, seja consideravelmente mais alta.

Correlações genéticas provêm informações sobre a interação genótipo x ambiente e podem ser usadas para quantificar a perda de informação ao se usar registros de produção de um ambiente diferente daquele onde os animais selecionados irão ser usados.

As pesquisas têm revelado que, na seleção dos melhores animais em ambiente de elevada qualidade de manejo, há tendência de selecionar genótipos com elevado valor de resposta. Em contraste, na seleção dos melhores num ambiente de baixa qualidade, há tendência de selecionar genótipos com baixa capacidade de resposta à melhoria de ambiente. Com base nessa informação, ressalta-se a tendência das respostas dos animais se associarem, negativamente, às médias fenotípicas nos ambientes de menor qualidade e, positivamente, às médias nos ambientes de maior qualidade. Nos ambientes de qualidade intermediária, não há

nenhuma tendência definida de associação entre a média fenotípica e a resposta dos animais. Desses resultados, conclui-se que o ambiente de seleção condiciona os resultados do processo de melhoramento (REIS e LÔBO, 1991).

Stanton *et al.*, (1991) apresentaram duas situações em que diferenças nas respostas à seleção seriam verificadas em ambientes diferentes, caracterizando a interação genótipo x ambiente. A primeira situação ocorre quando a correlação genética entre a expressão fenotípica em dois ambientes seria, substancialmente, menor que 1,0, indicando que bases genéticas diferentes estariam atuando nos diferentes ambientes. Outra situação que caracteriza a interação genótipo x ambiente seria resultante da heterogeneidade de variâncias, como no caso das avaliações de características simples, em que os reprodutores teriam a mesma classificação em cada ambiente, mas as diferenças na resposta à seleção das filhas e nos valores genéticos dos touros seriam menores no ambiente com menor variabilidade.

Diferenças entre locais na variabilidade de produção, geralmente resultam de diferenças em fatores climáticos, regionais ou locais, e de tipos de manejo, incluindo intensidade e fornecimento de alimentação, de acordo com a produção, sucesso dos programas de controle de doenças e qualidade nos procedimentos de criação dos reprodutores jovens (VINSON, 1987).

A variabilidade ambiental pode diminuir devido ao tratamento mais unificado de todas as fêmeas, que recebem a mesma quantidade de alimento ou pode aumentar, se as vacas de um rebanho passarem a receber dietas mais diversificadas quando adultas. Esses fatores podem ser responsáveis por mudanças nos componentes de variâncias de um nível para outro, em um ano, ou de um ano para outro (DE VEER & VAN VLECK, 1987).

Segundo Van Der Werf *et al.*, (1994), tem sido constatado que o aumento da produção, com o passar dos anos, está associado a um acréscimo no desvio-padrão fenotípico nas características de produção, o que, conseqüentemente, leva à presença de variâncias heterogêneas entre anos. Para esses autores, mesmo quando são realizadas análises com correção para presença de variâncias heterogêneas, outras fontes de viés ainda podem permanecer, mais especificamente o efeito do tratamento preferencial aplicado às mães de touros.

Para Vinson (1987), as avaliações genéticas em gado de leite apresentam as seguintes características: a) os rebanhos diferem, apreciavelmente, na produção de leite; b) as diferenças tendem a ser relativamente constantes com o tempo; c) as diferenças genéticas aditivas contribuem com parte da variação entre os rebanhos; e d) as diferenças entre rebanhos, em termos de variação, podem apresentar efeito potencialmente importante nas avaliações genéticas, particularmente nas vacas.

No entanto, a maioria dos procedimentos de modelos mistos na avaliação genética de gado de leite assume variâncias genéticas e residuais homogêneas entre ambientes, sem considerar o nível de produção ou a variância estimada dentro de cada ambiente.

Homogeneidade de variâncias não é um requerimento nas análises para obtenção de soluções BLUP de valores genéticos (HENDERSON, 1984; GIANOLA, 1986). Contanto que as estimativas de variâncias e covariâncias heterogêneas estejam disponíveis, a metodologia de modelos mistos com soluções BLUP, tem a capacidade de pesar apropriadamente as informações individuais e de progênie para rebanhos com diferentes variâncias.

Uma alternativa para solucionar os problemas associados à heterogeneidade de variâncias seria a estratificação dos dados baseada em algum critério, e posterior análise de

características múltiplas (GIANOLA, 1986). Tendo como princípio a proposta apresentada por Falconer (1952), de considerar a expressão de um genótipo em diferentes ambientes, como características distintas. No entanto, nem sempre é possível implementá-la, devido à dificuldades computacionais, à necessidade do conhecimento prévio das variâncias e covariâncias, e ainda, da complexa utilização dos resultados pelos produtores (TORRES, 1998).

A estratificação constitui-se no método mais comum para detectar heterogeneidade de variâncias entre ambientes, embora se introduza a possibilidade de erro nas estimativas das variâncias genéticas e residuais, pois é um processo análogo à seleção. Um maior número de níveis permitiria maior precisão, porém menor número de registros ficaria disponível para estimar as variâncias em cada nível (VALÊNCIA *et al.*, 1998).

Segundo Van Vleck (1987), se as variâncias genéticas e residuais e as covariâncias fossem conhecidas em cada ambiente, representado por um conjunto de rebanhos, então a seleção, com base nos resultados obtidos das análises de características múltiplas em modelos mistos, produziria uma avaliação de qualidade que poderia ser usada para selecionar otimamente touros ou vacas para produzirem em rebanhos ou em ambientes específicos.

Winkelman & Schaeffer (1988), com o objetivo de estimar componentes de variâncias de reprodutor e residual para rebanhos canadenses, notaram que a alternativa é impraticável, devido ao grande número de rebanhos com poucas observações. Os autores relatam que a acurácia da estimativa de componentes de variâncias dentro de rebanhos, poderia influenciar a efetividade da avaliação para a heterogeneidade de variâncias, uma vez que amostras de tamanhos pequenos poderiam conduzir a grandes erros de amostragens sobre as estimativas.

Se a heterogeneidade de variâncias for ignorada, a produção de filhas de determinado reprodutor será ponderada na proporção do desvio-padrão dos rebanhos nos quais elas foram criadas. O resultado é que produções das filhas, em rebanhos mais variáveis influenciarão mais a avaliação de reprodutores do que as produções das filhas oriundas de rebanhos menos variáveis (VINSON, 1987).

A heterogeneidade de variâncias tem maior efeito na avaliação genética de fêmeas, pois essas são avaliadas dentro de rebanho, e seus valores genéticos preditos seriam grandemente afetados pela variância dentro de rebanho, o que tende a ser uniforme ao longo do tempo. Ignorar a heterogeneidade de variâncias nas avaliações de fêmeas tenderia a favorecer fêmeas que produziram em rebanhos com elevada variância, ocorrendo o oposto para fêmeas em rebanhos com baixa variância. De importância prática, seria a tendência provável existente nas avaliações de vacas de alta produção, escolhidas como mães de futuros reprodutores em inseminação artificial. Em longo prazo, pode-se dizer que qualquer tendência nas avaliações de fêmeas se acumularia ao longo dos tempos, pois filhas e mães tendem a expressar produções no mesmo rebanho (TORRES, 1998).

Heterogeneidade de variâncias dentro de ambientes, para características de produção de leite tem sido vastamente estudada (HILL *et al.*, 1983; LOFGREN *et al.*, 1985; DE VEER & VAN VLECK, 1987; BOLDMAN & FREEMAN, 1990; DONG & MAO, 1990; STANTON *et al.*, 1991; MEUWISSEN & VAN DER WERF, 1993; COSTA, 1998; TORRES, 1998; ARAÚJO, 2000). Maiores variâncias genética e residual, à medida que a média de produção ou o desvio-padrão dentro de ambientes aumenta, têm sido evidenciadas em vários trabalhos (BOLDMAN & FREEMAN, 1990; DONG & MAO, 1990; TORRES, 1998; ARAÚJO, 2000; ARAÚJO *et al.*, 2002). A maioria desses estudos mostra altas estimativas de herdabilidade, à medida que a variabilidade das produções dentro do

ambiente aumenta (HILL *et al.*, 1983; LOFGREN *et al.*, 1985; DE VEER & VAN VLECK, 1987; DONG & MAO, 1990; MEUWISSEN & VAN DER WERF, 1993; ARAÚJO, 2000).

Alta herdabilidade em locais com elevada média de produção, freqüentemente, tem sido explicada como resultado do melhor ambiente, possibilitando a melhor expressão do verdadeiro potencial genético (VINSON, 1987).

Lofgren *et al.*, (1985) estimaram herdabilidade para produção de leite em três níveis de desvio-padrão para vacas Holandesas e Jersey. O aumento da variância de reprodutor e do desvio-padrão de rebanho foi, proporcionalmente, maior do que o crescimento da variância residual, produzindo maiores herdabilidades em rebanhos com alto desvio-padrão. As herdabilidades cresceram com o desvio-padrão de rebanho, aproximadamente, 17% (0,18 para 0,21) para Holandês, e 46% (0,25 para 0,37) para Jérseis.

Hill *et al.*, (1983) estratificaram os rebanhos pela produção de leite, de acordo com a média, variância e coeficiente de variação, em níveis alto e baixo, para estimar herdabilidades para produções de leite, gordura e proteína, e porcentagem de gordura e proteína. Herdabilidades para as características de produção foram maiores nos níveis altos de produção, com maiores diferenças de herdabilidades entre os níveis de variância já citados. Resultados para os componentes do leite foram similares, exceto nos rebanhos com nível baixo de coeficiente de variação, onde as estimativas de herdabilidade foram ligeiramente mais altas.

Assumir variâncias homogêneas não tem grande efeito nas avaliações de reprodutores, se os reprodutores são usados em rebanhos de diferentes níveis de produção, e a herdabilidade cresce com o aumento das variâncias residuais (GARRICK & VAN VLECK, 1987; VINSON, 1987; WINKELMAN & SCHAEFFER, 1988). Porém, quando as herdabilidades são menores no ambiente no qual as variâncias residuais são maiores,

reduções na eficiência de seleção de reprodutores podem acontecer por considerar erroneamente que as variâncias são homogêneas.

Num estudo de simulação, Garrick & Van Vleck (1987) observaram redução no ganho genético de até 3,4% quando o efeito da heterogeneidade de variâncias foi ignorado em esquemas de teste de progênie. Isto resultou em seleção de ambientes com baixa herdabilidade, porque esses ambientes são mais variáveis. Quando a herdabilidade cresceu com o aumento da variabilidade, a redução foi de somente 0,1%.

Heterogeneidade de variâncias entre ambientes resulta em redução na resposta à seleção e implica em desigual progresso genético entre ambientes classificados pelo desvio-padrão de rebanho. Portanto, ignorar a heterogeneidade de variâncias tem conseqüências na seleção e no ganho genético, reduzindo a efetividade de um programa de melhoramento genético (HILL, 1984; VAN VLECK, 1987; VINSON, 1987).

Maior resposta de seleção e, por conseguinte, taxa mais rápida de melhoria genética, foi relatada para ambientes de alta variabilidade em países latino-americanos (México, Colômbia e Porto Rico) (STANTON *et al.*, 1991). Segundo Vinson (1987), a proporção de animais selecionados de ambientes mais variáveis aumenta com a intensidade de seleção imposta. Hill (1984), em uma distribuição normal dos dados, demonstrou que se o desvio-padrão de populações mais variáveis é 50% maior do que as menos variáveis, e a proporção de animais selecionados é 0,01, o que indica que 95% dos indivíduos selecionados são provenientes de populações mais variáveis.

Winkelman & Schaeffer (1988) utilizaram registros de primeira lactação de vacas holandesas no Canadá, com o objetivo de verificar o efeito da heterogeneidade de variâncias dentro de rebanhos na avaliação genética de touros. Os rebanhos foram agrupados pelo nível de produção em: baixa (menor que um desvio-padrão abaixo da

média), média e alta (maior que um desvio-padrão acima da média), de acordo com suas respectivas estimativas de variâncias de touro e residual, formando nove grupos de variâncias.

Três modelos foram utilizados, sendo um desconsiderando a heterogeneidade de variâncias e dois considerando a heterogeneidade, sendo que nas estimativas de covariâncias entre os grupos de variâncias dos rebanhos assumiu-se uma matriz de variâncias e covariâncias genéticas não-singular e no outro modelo assumiu-se uma matriz em que todas as correlações genéticas foram iguais a um, o que reduziu a uma análise de característica simples.

As estimativas de (co) variâncias genéticas entre grupos de rebanhos indicaram que as correlações entre os três maiores grupos de variâncias estavam acima de 0,80. Tais correlações foram altas, indicando pouco benefício nos cálculos para provas de touros se fosse usada uma matriz de variâncias e covariâncias genéticas não-singular em vez de uma singular.

Boldman & Freeman (1990) e Freeman (1990), usando registros de lactação nos EUA, de 1976 a 1984, em um modelo animal que ignorava o parentesco entre animais, para estimar variâncias genética e residual, em diferentes níveis de produção, ignorando a covariância genética entre os níveis, encontraram aumento das variâncias genética, residual e de ambiente permanente com o nível de produção. Estimativas de herdabilidade e repetibilidade foram menores no nível baixo, mas similares nos níveis de média e alta produção. As vacas e os reprodutores foram avaliados por três modelos.

Os modelos 1 e 2 assumiram variâncias constantes e produções não transformadas ou log-transformadas. O 3 usou produções não transformadas e variâncias específicas para

os três níveis de produção. Analisando a classificação dos melhores reprodutores, foi constatado que, 23 dos 26 melhores touros que utilizaram o modelo com variância ajustada, também, foram agrupados entre os 5% melhores com o não ajustado, indicando que a distribuição por nível de produção das filhas não foi aleatória.

As avaliações de vacas foram mais sensíveis à heterogeneidade de variâncias, sendo que para todos os modelos, maiores percentagens de vacas-elite foram encontradas nos rebanhos de alto nível de produção.

Dong & Mao (1990) usaram um modelo reprodutor em análise de características múltiplas, para estimar componentes de covariâncias e variâncias de reprodutor e residual para diferentes níveis de variância e produção dentro de rebanho. Os dados foram estratificados em três grupos, de acordo com os níveis de variância dentro de classe rebanho-ano, variância dentro de rebanho, produção dentro de classe de rebanho-ano e produção do rebanho.

Estratificar os dados pela variância dentro de rebanho-ano foi a maneira mais efetiva de produzir estimativas heterogêneas de componentes de variância e de herdabilidade. Em cada um dos métodos de estratificação, as estimativas de componentes de covariância entre grupos foram maiores nos níveis de produções maiores, especialmente quando a variância dentro de classe de rebanho-ano foi o critério. Entretanto, todas as correlações genéticas entre grupos foram próximas à unidade.

Os reprodutores seriam ordenados de forma semelhante em grupos de variâncias diferentes dentro de classe rebanho-ano, mas a magnitude das diferenças entre reprodutores foi maior nos grupos de alta variância dentro de classe de rebanho-ano, que nos de baixa variância.

Houri Neto (1996) avaliou a interação genótipo x ambiente entre Brasil e EUA através de 332.617 lactações obtidas no Estado de Nova York (EUA) e 115.547 produções observadas em MG, ES, SP, SC e RS, no período de 1979 a 1991. As correlações genéticas das produções de leite obtidas entre os dois países variaram de 0,46 a 0,68. Esse resultado indica que os reprodutores avaliados nos EUA não apresentaram os mesmos desempenhos no Brasil.

Utilizando lactações de vacas da raça Holandesa no Brasil, com o objetivo de verificar o efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de vacas e touros, Torres (1998) estratificou a produção total de leite, ajustada à idade adulta, em classes de desvio-padrão fenotípico: baixo (< 1.427 kg), médio (entre 1.427 kg e 1.625 kg) e alto (> 1.625 kg). As médias de produção de leite e os componentes de variância genética, residual e fenotípica aumentaram com o aumento do desvio-padrão médio da classe. A classe de médio desvio-padrão fenotípico da produção de leite obteve maior estimativa de herdabilidade e as correlações genéticas entre as três classes de desvio-padrão foram acima de 0,92.

O trabalho de Torres (1998) caracterizou a pseudo-interação descrita por Dickerson (1962), a qual ocorre quando as correlações genéticas são altas, portanto, a ordem de classificação dos animais não seria alterada, mas a magnitude dos componentes de variância, assim como as estimativas de herdabilidade, variariam de uma classe de desvio-padrão fenotípico para outro. Esse fato tem sérias conseqüências quanto às decisões de seleção e aos ganhos genéticos esperados nos programas de seleção.

Cienfuegos-Rivas *et al.*, (1999), quando compararam o desempenho de filhas de touros Holandeses no México e no nordeste dos E.U.A. encontraram diferentes e menores

respostas das filhas de touros selecionadas nos E.U.A. e criadas no ambiente mexicano, sugerindo que as melhores respostas são preditas para o México, quando se usa informação de filhas criadas em ambiente americano de baixo desvio-padrão de rebanho-ano da produção de leite. Eles concluíram que a interação genótipo x ambiente, evidenciada tanto pela heterogeneidade de variância, quanto pelos coeficientes de correlação genética, não somente impede ganhos genéticos, mas contribui severamente para o reduzido e diferente benefício econômico líquido da biotecnologia da inseminação artificial, nos países da América Latina, que usam sêmen americano.

Costa *et al.*, (2000) utilizou registros de produção de leite e gordura, para estudar a heterogeneidade de variâncias entre locais, os quais foram classificados em dois grupos (baixo e alto) com base no desvio-padrão fenotípico da produção de leite por rebanho-ano. Os componentes de variâncias de reprodutor e de resíduo para produção de leite e gordura nos ambientes de baixo desvio-padrão foram menores que nos ambientes de alto desvio-padrão fenotípico.

As correlações genéticas para produção de leite e gordura entre os dois grupos de ambientes foram próximas a 1,0. O autor concluiu que as avaliações genéticas no Brasil devem considerar a heterogeneidade de variâncias para aumentar a precisão das avaliações e a eficiência de seleção para a produção de leite e gordura na raça Holandesa.

A fim de verificar a inclusão da interação reprodutor x rebanho no modelo de análise, como fator de ajustamento à heterogeneidade de variâncias, e determinar o efeito dessa interação sobre a acurácia dos valores genéticos dos reprodutores na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil, Araújo (2000) estratificou os rebanhos em classes de desvio-padrão fenotípico da produção de leite e estimou os componentes de

variância para interação reprodutor x rebanho. Obteve, também, as correlações entre os valores genéticos dos touros, obtidos para cada modelo de análise. Para todas as análises feitas, o autor observou aumento dos componentes de variâncias da classe de baixo, para a classe de alto desvio-padrão fenotípico, devido a característica produção de leite. As maiores estimativas de herdabilidades para a produção de leite foram observadas na classe de alto desvio-padrão, concluindo, o autor, que grande parte da heterogeneidade de variância entre os rebanhos foi devida a fatores genéticos, razão pela qual, nesta situação, a interação reprodutor x rebanho seria pouco efetiva no controle da heterogeneidade de variância.

Rorato *et al.*, (2000) investigaram o efeito da interação genótipo x ambiente sobre o desempenho produtivo de vacas Holandesas no Brasil e, para isto, dividiram os rebanhos de acordo com a média de produção de leite, por lactação, em níveis baixo (B), médio (M) e alto (A).

Foi encontrado menor componente de variância genética e maior componente residual para o nível médio de produção de leite e os coeficientes de herdabilidade foram 0,58; 0,26; e 0,32 para os níveis B, M e A, respectivamente, mostrando que, os componentes de variâncias foram heterogêneos, assim como os coeficientes de herdabilidade, indicando que estes fatos deveriam ser considerados na avaliação genética dos animais e que o progresso genético esperado pela

seleção estaria na dependência dos diferentes níveis de ambiente em que os animais seriam criados.

Concluiu-se também, que houve indícios claros de interação genótipo x ambiente entre os níveis B e M, e B e A mostrando que os melhores reprodutores em um dos níveis não seriam, necessariamente, os mesmos nos outros. Já para os níveis M e A foi esperado os mesmos desempenhos das filhas de reprodutores criadas nos dois níveis, devido à alta correlação genética entre os ambientes (0,98).

2.3 PROCESSO DE AVALIAÇÃO GENÉTICA ANIMAL

2.3.1 Teoria dos modelos mistos

A metodologia dos modelos mistos foi derivada por Charles. R. Henderson em 1948, combinando as teorias dos mínimos quadrados com as do índice de seleção para a estimação das habilidades gerais, específicas e maternas em suínos. Esta metodologia, sob os diferentes modelos existentes, produz preditores denominados de valores genéticos.

Em um determinado conjunto de n observações referentes a q características, o desempenho de cada indivíduo pode ser explicado pelo seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}$$

sendo:

y = vetor $nq \times 1$ de observações; X = matriz de incidência $nq \times pq$ dos pq níveis de efeitos fixos (conhecida); β = vetor $pq \times 1$ de efeitos fixos (desconhecido); Z = matriz de incidência $nq \times nq$ dos efeitos aleatórios (contendo zero e uns); u = vetor $nq \times 1$ dos efeitos aleatórios (desconhecido); e = vetor $nq \times 1$ dos erros aleatórios.

Sob este modelo, pressupõe-se que a variância de u é igual a G , em que G é uma matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos em u ; sendo que $G = A \otimes G_0$, em que A é a matriz $n \times n$ que indica o grau de parentesco entre os indivíduos avaliados, \otimes denota produto direto e G_0 é a matriz $q \times q$ de (co)variâncias genéticas entre as características avaliadas. A Variância de e é igual a R , em que $R = I \otimes R_0$, onde I é uma identidade matriz $n \times n$ e R_0 é uma matriz de (co)variâncias residuais entre as q características.

A esperança de y é definida como $E(y) = X\beta$, e a variância de y sob este modelo é igual a $Var(y) = V = ZGZ' + R \Rightarrow y \sim N(X\beta, V)$; onde o símbolo V denota a matriz de dispersão.

A derivação das equações acima pode ser feita a partir da minimização do quadrado médio do erro ou pela maximização da função densidade de probabilidade da distribuição conjunta de y e u :

$$f(y, u) = \frac{e^{-1/2[(y - X\beta - Zu)' R^{-1}(y - X\beta - Zu) + u' G^{-1}u]}}{(2\pi)^{1/2(n+q)} |R|^{1/2} |G|^{1/2}}$$

Assim, as equações normais para este modelo podem ser escritas como:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix}$$

Tais equações podem, também, ser representadas como $C\hat{S} = t$, sendo:

$$C = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} = \text{matriz de coeficientes (*left hand side*)}; \hat{S} = \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \text{vetor}$$

$$\text{das soluções e } t = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} = \text{vetor das somas parciais de } y \text{ (*right hand side*)}.$$

Por meio da resolução de tais equações, as soluções para os efeitos fixos, que são denominados de **BLUE** (Best Linear Unbiased Estimates). Além de soluções para os efeitos aleatórios, que são o objetivo principal da análise e são denominados de **BLUP** (Best Linear Unbiased Predictions). A obtenção desses preditores com menor variância do erro de predição dentre todos os preditores lineares não-viciados, faz com que a correlação entre os valores verdadeiros e os preditos seja maximizada e, sob a suposição de distribuição normal das observações, também, é maximizada a probabilidade de se classificar corretamente os indivíduos pelos seus valores genéticos, aumentando a acurácia das predições.

As equações para o modelo animal proporcionam soluções diretas para todos os animais incluídos na matriz de parentesco, mesmo que estes não possuam registros de produção, e têm as mesmas propriedades BLUP. No entanto, para a resolução desse sistema, é preciso que se conheçam os componentes de **G** ou, então, que sejam estimados e substituídos nas equações do modelo misto, obtendo aproximações para os melhores estimadores e preditores lineares de **β** e de **u**. As propriedades dos estimadores e preditores resultantes, a partir desse procedimento, não são bem definidas, à exceção de serem não-viesados (KACKAR & HARVILLE, 1984). É conceituado por alguns autores como BLUP, sendo um “empírico-BLUP”.

Os componentes de variância podem ser estimados por diferentes métodos, mas tem havido uma preferência, no melhoramento animal, pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), que foi, posteriormente, desenvolvido por Patterson & Thompson (1971). Este método consiste em maximizar a parte da função densidade de probabilidade normal multivariada associada com os efeitos aleatórios, após ajustar para as estimativas de efeitos fixos, no modelo linear.

Algoritmos muito utilizados para estimação dos componentes de variância por meio de REML são o algoritmo da Esperança e Maximização (EM) e o algoritmo Livre das Derivadas (DFREML). O primeiro é robusto, porém mais lento para convergência, enquanto que o segundo método, proposto por Smith & Graser (1986) e por Graser (1987), é um método mais simples computacionalmente em relação ao EM, porém requer um número muito maior de avaliações da função de verossimilhança. Este método consiste em procurar uma superfície S dimensional (S = conjunto de valores contendo razões de (co)variância em relação a variância residual) e encontrar o conjunto de razões de (co)variância para o qual o logaritmo natural da função de verossimilhança é maximizado.

2.4 INFERÊNCIA BAYESIANA

A teoria de modelos mistos tem sido um padrão para a avaliação de animais. Embora notória no melhoramento animal, a abordagem clássica de modelos mistos apresenta algumas limitações, como a elevada demanda computacional e a construção adequada de intervalos de confiança para os valores reprodutivos de cada animal, o que permitiria uma comparação mais fidedigna entre animais. Esse segundo aspecto pode ser contornado pela inferência bayesiana, que consiste em uma abordagem estatística que trata os parâmetros

populacionais como variáveis aleatórias e que, a menos que não hajam limitações computacionais, permite obter intervalos de confiança (chamados de “intervalos de credibilidade”) (NOGUEIRA & SÁFADI, 2001).

A *informação* que se deseja obter sobre um parâmetro de interesse θ é fundamental na Inferência. O verdadeiro valor de θ é desconhecido e a idéia é tentar reduzir este desconhecimento. Além disso, a intensidade da incerteza a respeito de θ pode assumir diferentes graus. Do ponto de vista Bayesiano, estes diferentes graus de incerteza são representados através de *modelos probabilísticos* para θ . Neste contexto, é natural que diferentes pesquisadores possam ter diferentes graus de incerteza sobre θ (especificando modelos distintos). Sendo assim, não existe nenhuma distinção entre quantidades observáveis e os parâmetros de um modelo estatístico, todos são considerados quantidades aleatórias.

Se θ é um vetor de parâmetros e \mathbf{y} é um vetor de observações de um determinado experimento, então a função densidade de probabilidade conjunta de θ e \mathbf{y} ($f(\theta, \mathbf{y})$) pode ser definida como;

$$f(\theta, \mathbf{y}) = f(\theta)f(\mathbf{y}/\theta) = f(\mathbf{y}) f(\theta, \mathbf{y})$$

Reorganizando as expressões, tem-se:

$$f(\theta/\mathbf{y}) = f(\theta, \mathbf{y})/f(\mathbf{y})$$

$$f(\theta/ \mathbf{y}) = f(\theta)f(\mathbf{y}/\theta)/f(\mathbf{y})$$

onde a última expressão representa o teorema de Bayes. Como $f(\mathbf{y})$ não é uma função de θ , tem-se uma forma usual do teorema de Bayes (GIANOLA & FERNANDO, 1986);

$$f(\theta/ \mathbf{y}) \propto f(\theta)f(\mathbf{y}/\theta)$$

em que \propto é o operador que indica proporcionalidade à, ou seja, existe uma constante c , tal que $f(\theta/ y) \propto c f(\theta)f(y/\theta)$

Definido os termos da expressão, tem-se que; $f(\theta)$ é a função densidade de probabilidade (variáveis contínuas) “**a priori**” de θ , que reflete a relativa incerteza sobre os possíveis valores de θ , antes do vetor y ter sido observado. O termo $f(y/\theta)$ é a função densidade de probabilidade de y condicional a θ , que representa a **verossimilhança**, ou seja, a quantidade de informação contida em y para o conhecimento de θ .

E o termo $f(\theta/ y)$ é a função densidade de probabilidade “a posteriori”, que reúne em si, o estado de incerteza sobre θ , dado o conhecimento prévio sobre os parâmetros e a informação contida no vetor de observações.

A informação a priori, uma das principais características da teoria Bayesiana, varia desde crenças pessoais do pesquisador até a informação contida em dados obtidos por meio de meios científicos, como por exemplo, a informação proveniente de ensaios anteriores ou considerações teóricas inerentes à área de estudo.

Quando o conhecimento prévio sobre a frequência de ocorrência de um dado fenômeno estudado é vago, ou praticamente inexistente, a densidade a priori é denominada de não informativa, ou plana (flat), possui uma distribuição uniforme r representada como;
 $f(\theta) \propto \text{constante}$

Gianola & Fernando (1986) citam que uma função “a priori” plana não é apropriada, pois sua integral não converge sobre todos os possíveis valores de θ . Embora controversas, a maioria dos argumentos da inferência frequentista, podem ser derivados pelo teorema de Bayes, usando uma priori não informativa.

Distribuições impróprias podem se tornar própria se forem adotados limites

considerando-se a incerteza sobre os demais parâmetros do modelo (WANG *et al.*, 1994).

Inicialmente, é necessária a obtenção da densidade conjunta *a posteriori* de todos os parâmetros desconhecidos. A partir dessa função conjunta, a distribuição marginal *a posteriori* de um parâmetro (como o valor genético de um animal ou o componente de variância genética) é obtida por processos sucessivos de integração em relação aos demais parâmetros “nuisance”, que são os efeitos “fixos” (na abordagem frequentista) e todos os efeitos aleatórios, exceto aquele de interesse.

Tal integração por meios analíticos ou numéricos é difícil e até vezes impraticável, principalmente quando as distribuições *a posteriori* são complexas, as aproximações analíticas são quase sempre impossíveis, e, portanto, a atenção tem sido voltada para o uso dos procedimentos numéricos, com grande aplicação de métodos de simulação dos métodos Monte Carlo da Cadeia de Markov (MCMC).

O amostrador de Gibbs é um método da família dos MCMC, de forma que a cadeia de Gibbs segue as mesmas propriedades das cadeias de Markov. Casella & George (1992) definem o amostrador de Gibbs como um procedimento numérico para obter amostras da distribuição conjunta ou marginal de todos os parâmetros do modelo através de repetidas amostragens de todas as distribuições condicionais completas formando uma cadeia de Markov.

A amostragem de Gibbs é um método de integração numérica que permite a realização de inferências sobre as densidades conjuntas ou marginais, mesmo que essas densidades não possam ser avaliadas diretamente (VAN TASSEL *et al.*, 1995). O uso de técnicas, como a da Amostragem de Gibbs, evita difíceis cálculos, substituindo-os por seqüências de cálculos mais fáceis. Essas metodologias têm causado grande impacto em problemas práticos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL

Utilizaram-se 5.484 registros de produção de leite média na lactação referentes a produções de 2.994 fêmeas bubalinas, predominantemente da raça Murrah, filhas de 150 reprodutores, acasalados com 1.130 matrizes, em 12 rebanhos localizados nas regiões Norte, Nordeste e Sudeste, cujos partos ocorreram entre os anos de 1974 e 2004. Os registros foram provenientes do Programa de Melhoramento Genético dos Bubalinos – PROMEBUL (2004), com a adição de registros provenientes do rebanho da Embrapa Amazônia Oriental, localizada em Belém, Pará.

Com a finalidade de obtenção de consistência dos dados e melhoria na qualidade das informações, as informações de registros de produção provenientes dos anos de parição de 2002, 2003 e 2004 foram todas agrupadas em 2001. Foram definidas classes de rebanho-ano de parto como critério de formação de grupos de contemporâneos. Excluíram-se as observações referentes às classes de rebanho-ano de parto com número de informações menor que duas. Foram eliminados reprodutores com menos de duas proles e, também, eliminadas proles com menos de duas lactações. Proles sem informação de ascendência, data de nascimento ou data de parição foram eliminadas.

Deste modo, o arquivo final analisado continha 2061 registros de controles individuais de produção de leite média na lactação, provenientes de 532 fêmeas, filhas de 44 reprodutores, com 354 registros (17,18%) dos registros pertencentes ao rebanho da Embrapa. O número de classes rebanho-ano de parto foi igual a 57 e a idade da fêmea ao parto analisada variou de 24 a 192 meses de idade.

Foi gerado, também, um arquivo de “pedigree”, utilizado em todas as análises, contendo a identificação de animal, pai e mãe, resultando em 3.676 indivíduos diferentes identificados na matriz de numeradores de coeficientes parentesco (NRM).

3.2 MÉTODOS

Com o objetivo de verificar a presença de heterogeneidade de variâncias entre rebanhos, classificaram-se os rebanhos em duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite. Com base no número de registros de produção de leite, as classes de desvio-padrão fenotípico foram dispostas da seguinte forma: 1) Baixo desvio-padrão: classe formada por rebanhos que apresentavam desvio-padrão fenotípicos inferiores a 750 kg e 2) Alto desvio-padrão: nesta classe estão englobados todos os rebanhos com desvio-padrão fenotípico iguais ou superiores a 750 kg. Assim, os dados foram analisados em duas situações, na primeira desconsiderou-se as classes de desvio-padrão fenotípico, na qual obteve-se os componentes de variância e valores genéticos dos indivíduos para a produção de leite. Na segunda situação, os dados foram analisados considerando a produção de leite em cada classe de desvio-padrão fenotípico como características distintas, obtendo componentes de (co) variâncias e valores genéticos em cada classe.

3.3 MODELOS

Análises de características simples que não consideram as classes de desvio-padrão fenotípicos.

A análise geral que desconsidera as diferenças entre as variâncias entre as classes de desvio-padrão fenotípico, na obtenção dos componentes de variância, bem como dos valores genéticos dos animais, foi obtida por meio do seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_a \mathbf{a} + \mathbf{Z}_p \mathbf{p} + \mathbf{e},$$

em que

\mathbf{y} é um vetor $n \times 1$, de n observações de produção de leite;

\mathbf{X} é uma matriz $n \times f$, de incidência de f níveis dos efeitos fixos;

$\boldsymbol{\beta}$ é um vetor $f \times 1$, de efeitos fixos referentes às classes de rebanho-ano de parto, mês de parto e covariáveis idade da fêmea ao parto e duração da lactação;

\mathbf{Z}_a é uma matriz $n \times N$, de incidência dos valores genéticos;

\mathbf{a} é um vetor $N \times 1$, de valores genéticos dos animais ;

\mathbf{Z}_p é uma matriz $n \times N$, de incidência dos efeitos permanentes de meio ambiente sobre os animais;

\mathbf{p} é um vetor $N \times 1$, de valores referentes ao efeito permanente de meio ambiente sobre os animais ; e

\mathbf{e} é um vetor de resíduos da mesma dimensão de \mathbf{y} .

sendo

N número de indivíduos;

- n número total de observações; e
 f número de classes de efeitos fixos;

As pressuposições acerca da distribuição dos vetores \mathbf{y} , \mathbf{a} , \mathbf{p} e \mathbf{e} podem ser descritas como

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \phi \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_a \mathbf{G} \mathbf{Z}_a' + \mathbf{Z}_p \mathbf{P} \mathbf{Z}_p' + \mathbf{R} & \mathbf{Z}_a \mathbf{G} & \mathbf{Z}_p \mathbf{P} & \mathbf{R} \\ & \mathbf{G} & \phi & \phi \\ & \mathbf{P} \mathbf{Z}_p' & \phi & \mathbf{P} \\ & \mathbf{R} & \phi & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right\},$$

em que

$$\mathbf{G} = \mathbf{A} \sigma_a^2, \quad \mathbf{P} = \mathbf{I}_N \sigma_p^2 \quad \text{e} \quad \mathbf{R} = \mathbf{I}_n \sigma_e^2,$$

sendo

\mathbf{A} Matriz de numerador do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número de indivíduos (N);

σ_a^2 Variância genética aditiva para produção de leite;

\mathbf{I}_N Matriz identidade, de ordem N;

σ_p^2 Variância referente ao efeito de ambiente permanente sobre o animal, na produção de leite;

\mathbf{I}_n Matriz identidade, de ordem n; e

σ_e^2 Variância residual para a característica.

Assumindo-se que a distribuição condicional dos dados y , dado b e a , é normal multivariada:

$$y | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \sigma_e^2 \sim \mathbf{N}(\mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Zp}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$$

em que I é uma matriz identidade e σ_e^2 é a variância residual, então a função de verossimilhança é dada por:

$$p(y | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \sigma_e^2) \propto (2\pi\sigma_e^2)^{-n/2} \exp\left[-\frac{(y - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Za} - \mathbf{Zp})'(y - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Za} - \mathbf{Zp})}{2\sigma_e^2}\right]$$

$$p(b) \propto \text{constante}$$

Densidade priori plana foi assumida para os elementos de β , por refletir a falta de conhecimento sobre os parâmetros de locação de efeitos “fixos”.

$$(y | a) = (2\sigma_a^2)^{-q/2} |a|^{-1/2} \exp\left[-\frac{a' A^{-1} a}{2\sigma_a^2}\right]$$

Para os valores gené

ultivariada:

lação base,

medas para as variâncias genética

$$p(\sigma_i^2 | v_i, S_i^2) \propto (\sigma_i^2)^{-\left[\frac{v_i+1}{2}\right]} \exp\left[-\frac{v_i S_i^2}{2\sigma_i^2}\right]; \text{ para } i = a, e;$$

em que v_i é o parâmetro que indica os graus de liberdade da distribuição e S_i^2 é o parâmetro de escala para a densidade “*a priori*” (i).

A densidade posterior conjunta tomada como o produto das densidades condicionais “*a priori*”, além da função de verossimilhança tem seguinte forma:

$$\begin{aligned} \mathbf{p}(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2 | \mathbf{y}) &\propto \mathbf{p}(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2) \mathbf{p}(\mathbf{y} | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2) \\ &= \mathbf{p}(\mathbf{b}) \mathbf{p}(\mathbf{a} | \sigma_a^2) \mathbf{p}(\sigma_a^2) \mathbf{p}(\mathbf{p} | \sigma_p^2) \mathbf{p}(\sigma_p^2) \mathbf{p}(\sigma_e^2) \mathbf{p}(\mathbf{y} | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2) \end{aligned}$$

Como a matriz de parentesco entre os indivíduos ”A” é conhecida e tomando as densidades em termos de proporcionalidade, desprezando-se os termos constantes, tem-

$$\begin{aligned} \mathbf{p}(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_e^2 | \mathbf{y}) &\propto (\sigma_a^2)^{-q/2} \exp\left[-\frac{\mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}}{2\sigma_a^2}\right] * (\sigma_a^2)^{-\left[\frac{v_a-1}{2}\right]} \exp\left[-\frac{v_a S_a^2}{2\sigma_a^2}\right] * \\ &(\sigma_p^2)^{-q/2} \exp\left[-\frac{\mathbf{p}' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{p}}{2\sigma_p^2}\right] * (\sigma_p^2)^{-\left[\frac{v_p-1}{2}\right]} \exp\left[-\frac{v_p S_p^2}{2\sigma_p^2}\right] * \\ &(\sigma_e^2)^{-\left[\frac{v_e+1}{2}\right]} \exp\left[-\frac{v_e S_e^2}{2\sigma_e^2}\right] * (\sigma_e^2)^{-n/2} \exp\left[-\frac{(\mathbf{y} - \mathbf{Xb} - \mathbf{Za})' (\mathbf{y} - \mathbf{Xb} - \mathbf{Za})}{2\sigma_e^2}\right] \\ &= (\sigma_a^2)^{-\left[\frac{q+v_a+1}{2}\right]} \exp\left[-\frac{\mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} + v_a S_a^2}{2\sigma_a^2}\right] * \\ &(\sigma_e^2)^{-\left[\frac{n+v_e+1}{2}\right]} \exp\left[-\frac{\mathbf{y} - \mathbf{Xb} - \mathbf{Za})' (\mathbf{y} - \mathbf{Xb} - \mathbf{Za}) + v_e S_e^2}{2\sigma_e^2}\right] \end{aligned}$$

se:

3.3.1 Análise que considera a produção de leite em cada classe de desvio-padrão fenotípico como característica distinta

A análise que considera cada classe de desvio-padrão fenotípico como uma característica distinta, para obtenção de componentes de variância e valores genéticos dos reprodutores para produção de leite, levando-se em conta uma distribuição conjunta das características, da seguinte forma:

$$\mathbf{y} = \begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_1 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{X} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix}, \quad \boldsymbol{\beta} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{Z}_a = \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_{a1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{a2} \end{bmatrix}, \quad \mathbf{Z}_p = \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_{p1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{pa2} \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{a} = \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{p} = \begin{bmatrix} \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{p}_2 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{e} = \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

em que

y_1 = produção de leite na classe de alto desvio-padrão fenotípico;

y_2 = produção de leite na classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

Definindo-se então o modelo, tem-se

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_a \mathbf{a} + \mathbf{Z}_p \mathbf{p} + \mathbf{e},$$

em que

\mathbf{y}_i vetor $n_i \times 1$, de n_i observações de produção de leite na classe de desvio-padrão i ,

i = baixo e alto;

\mathbf{X}_i matriz $n_i \times f$, de incidência de s níveis dos efeitos fixos na classe de desvio-

padrão i ;

β_i vetor $f \times 1$, de efeitos fixos da classe i ;

Z_{ai} matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos valores genéticos, contendo “1” na classe i ;

a_i vetor $N_i \times 1$, de valores genéticos dos animais da classe i ;

Z_{pi} uma matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos efeitos permanentes de meio ambiente dos animais, na classe i ;

p_i vetor $N_i \times 1$, de valores referentes ao efeito permanente de meio ambiente dos animais da classe i ; e

e_i vetor de resíduos da mesma dimensão de y_i .

Admitindo-se que y , a , p e e tenham distribuição normal multivariada ,

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ \phi \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G Z_a' + Z_p P Z_p' + R & Z_a G & Z_p P & R \\ & G & \phi & \phi \\ & P Z_p' & P & \phi \\ & R & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

tem-se que

$$G = A \otimes G_0,$$

$$P = I_N \otimes P_0, \text{ e}$$

$$R = I_n \otimes R_0;$$

sendo

A matriz de numerador do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número total de indivíduos (N);

\mathbf{G}_0 matriz $q \times q$, de variância e covariância genética aditiva entre as q características; e

\otimes operador produto direto (SEARLE, 1966).

$$\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 \end{bmatrix},$$

em que

σ_{a11}^2 variância genética aditiva da característica i , e σ_{a12} , covariância genética aditiva entre as características i e j .

\mathbf{I}_N Matriz identidade, de ordem N ; e

\mathbf{I}_n matriz identidade, de ordem n ;

sendo

$$\mathbf{P}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{p11}^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \sigma_{p22}^2 \end{bmatrix};$$

em que

σ_{p11}^2 é a variância referente ao efeito permanente de meio ambiente do animal na característica i ;

$$\mathbf{R}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \sigma_{e22}^2 \end{bmatrix},$$

e σ_{e11}^2 , a variância residual da característica i .

Para os componentes de (co) variâncias, foram assumidas distribuições priori Wishart invertida. Se W é uma variável aleatória com distribuição de Wishart Invertida, sua função densidade de probabilidade é definida como

$$f(T | T_0, v) \propto |T|^{-1/2(v+m+1)} \times \exp[\text{Tr}(-1/2T_0^{-1} T^{-1})]$$

Com T_0 sendo a matriz de parâmetro de escala de ordem qxq , positiva definida, v parâmetro de escala, associado ao grau de confiança e que possibilita o formato da distribuição dos componentes.

Para verificar se o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obtenção de médias posteriores de componentes de variâncias, foram processadas três diferentes tamanhos de cadeia. O primeiro tamanho correspondeu a 80.000 mil rounds, com o período de queima (burn-in) de 30.000 e intervalo de tomada de amostra a cada 100 rounds. No segundo tamanho de cadeia, foi estipulado 40.000 rounds para o período de aquecimento (Burn In) em um total de 120.000 rounds da cadeia completa e com o intervalo de tomada de amostra a cada 100 rounds. No terceiro tamanho, foi considerada a cadeia completa de 600.000 rounds com período de queima de 100.000 e intervalo de tomada de amostra a cada 500 rounds.

Foram utilizados 100 rounds no máximo, no processo de iterações de Gauss-Seidel, para iniciar a cadeia, com critério de convergência para a variância do simplex de 10^{-3} . Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo MTGSAM (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1996).

3.3.2 Correlação entre os valores genéticos

Dos quarenta e quatro reprodutores que possuíam proles com produção de leite avaliadas, quatorze possuía proles em ambas classes de desvio-padrão fenotípico. Com a

finalidade de observar se a presença de heterogeneidade de variância para a produção de leite poderia causar diferenças no ordenamento dos melhores animais com base em seus valores genéticos, os valores genéticos, em análise geral e em cada classe de desvio-padrão fenotípico, bem como os valores genéticos obtidos para fêmeas, foram organizados em arquivos e, posteriormente, quantificado a correlação de Spearman e correlação de Pearson.

A correlação de Spearman, que é uma correlação de ordem entre variáveis, foi obtida do pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 1990).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias observadas, desvio-padrão-padrão, os coeficientes de variação e o número de lactações, para produção de leite, em cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análise geral, são apresentados na Tabela 1.

O número de lactações, médias e desvios-padrão para a produção de leite em cada mês de parição, dentro de cada classe de desvio-padrão, são apresentados na Tabela 2. Médias e desvio-padrão em cada mês de parto, independente da classe de desvio-padrão fenotípico, são exibidos na Figura 1.

Observa-se maior número de lactações ocorrendo no primeiro semestre, com maiores produções de leite ocorrendo entre os meses de julho e janeiro. Baruselli *et al.*, (1993) verificaram no Vale do Ribeira –S.P., região Sudeste do Brasil, nítida concentração de natalidade no primeiro semestre do ano, indicando que a espécie apresenta comportamento reprodutivo sazonal para aquela região.

Tabela 1 - Médias, desvio-padrão (D.P.), coeficientes de variação (C.V.) e números de lactações para produção de leite, em cada classe de desvio-padrão e em análise geral

Parâmetro	Classe de Desvio-padrão		Geral
	Alto	Baixo	
Média (kg)	1.870,21	1.900,50	1.885,48
D.P. (kg)	758,78	587,76	677,98
C.V.(%)	40,57	30,92	35,95
Nº de lactações	1.022	1.039	2.061

Tabela 2 – Distribuição do número de lactações (N), médias e desvio-padrão (DP) para a produção de leite em cada mês de parto.

Mês de Parto	Alto Desvio-Padrão			Baixo Desvio-Padrão		
	N	Média	D.P.	N	Média	D.P.
Janeiro	208	1.892,19	695,72	36	2.107,20	521,83
Fevereiro	234	1.751,65	676,77	82	1.939,71	566,35
Março	207	1.775,37	762,70	156	1.814,84	440,52
Abril	121	1.827,37	712,41	187	1.814,07	444,08
Mai	86	1.921,77	808,13	138	1.859,02	563,89
Junho	39	2.157,55	995,89	127	1.822,66	616,66
Julho	22	2.741,25	1.192,28	98	1.874,96	678,29
Agosto	11	2.321,80	963,89	88	2.048,03	696,37
Setembro	3	2.526,90	839,55	40	2.116,81	666,53
Outubro	9	2.038,42	1.017,22	39	2.027,06	753,40
Novembro	17	1.883,24	644,13	29	2.211,90	898,25
Dezembro	65	1.939,53	583,61	19	1.973,33	468,19

De modo geral, maiores produções e aumento da fertilidade dos rebanhos, estão associadas com a disponibilidade de quantidade de matéria seca, e conseqüentemente, de nutrientes disponibilizados pelas forrageiras. No período de menor precipitação pluviométrica, as forragens têm a produção reduzida aumentando a quantidade de carboidratos estruturais em sua parede celular, tornando-se mais fibrosas e

disponibilizando menos nutrientes, com reflexos em primeiro lugar na reprodução e posteriormente na produção. O comportamento não muito claro de estacionalidade presente no trabalho deve-se a origem de rebanhos em diferentes regiões, com diferenças entre comportamentos climáticos.

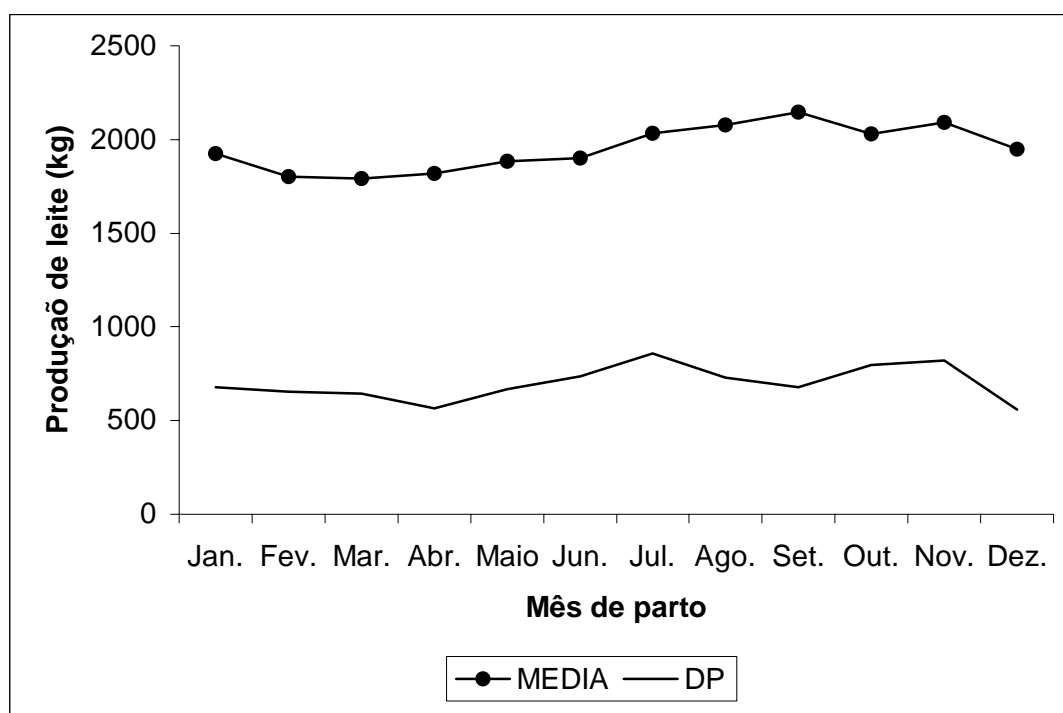


Figura 1 – Médias de produções de leite e desvio-padrão, em cada mês de parição.

As médias das produções de leite nas classes de alto e baixo desvio-padrão apresentaram valores próximos da produção de leite média na análise geral, sendo que esta última é uma média dos valores de cada classe de desvio-padrão ponderada pelo número de observações em cada classe.

4.1 CADEIAS DE GIBBS

Os resultados para as médias posteriores de componentes de variâncias, herdabilidade e repetibilidade em análises com tamanhos de cadeia de Gibbs de 80.000, 120.000 e 600.000 mil rounds e respectivos períodos de queima (burn-in) de 30.000, 40.000 e 100.000 rounds, são demonstradas na Tabela 3. Verifica-se que o tamanho de cadeia intermediário (120.000) foi suficiente para gerar a amostra, sobre a qual foram obtidas as médias posteriores.

Tabela 3 - Médias posteriores para os componentes de variância genética aditiva (V_a), ambiente permanente (V_p), ambiente temporário (V_e), estimativas de herdabilidade e repetibilidade para produção de leite em situações com diferentes tamanhos de cadeia de Gibbs.

Média Posterior	Tamanho da cadeia de Gibbs		
	80.000	120.000	600.000
V_a	70.448,0746	70.270,9881	73.772,6843
V_p	26.294,1047	26.494,4425	23.687,4451
V_e	103.471,3818	103.472,6728	103.481,6890
herdabilidade	0,36	0,35	0,37
repetibilidade	0,47	0,48	0,49

4.2 ANÁLISE DE CARACTERÍSTICAS SIMPLES E CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS

As médias posteriores para os componentes de variância dos efeitos genético aditivo, ambiente permanente e ambiente temporário, para cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análise geral, podem ser observados na Tabela 4. As médias posteriores para os componentes de variâncias foram maiores na classe de lato desvio-padrão. Aumento nas estimativas de componentes de variância genética e residual, conforme aumento do nível de produção dos rebanhos foi também observado utilizando inferência clássica (DE VEER & VAN VLECK, 1987; BOLDMAN & FREEMAN, 1990; FREEMAN, 1990; DONG & MAO, 1990; SHORT *et al.*, 1990; COSTA, 1998; TORRES, 1998).

Tabela 4 - Médias posteriores para os componentes de variância genética aditiva (V_a), ambiente permanente (V_p) e ambiente temporário (V_e) para produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral

Média Posterior	Classe de devio-padrão	
	Alto	Baixo
V_a	82.787,9980	65.338,2541
V_p	35.253,8255	23.440,3688
V_e	129.661,7597	67.525,0925

As razões entre médias posteriores dos componentes de variância dos efeitos genéticos aditivo, ambiente permanente e ambiente temporário com a média posterior do componente de variância fenotípica, ou seja, herdabilidade, parâmetro ambiental permanente e ambiental temporário, respectivamente, podem ser observados na Tabela 5.

Tabela 5 – Valores para herdabilidade (h^2), parâmetro ambiental permanente (c^2) e parâmetro ambiental temporário (e^2)

Média Posterior	Classe de desvio-padrão		
	Alto	Baixo	Geral
h^2	0,33	0,42	0,35
c^2	0,14	0,15	0,13
e^2	0,52	0,43	0,52

A herdabilidade obtida na classe de alto desvio-padrão foi próxima do valor observado na análise geral e inferior ao valor encontrado na classe de baixo desvio-padrão fenotípico. Valores do parâmetro ambiental permanente foram próximos em todas as situações, enquanto que valores para o parâmetro ambiental temporário foi menor a classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

A correlação genética para produção de leite entre as classes de desvio-padrão foi igual a 0,58, indicando que as produções de leite em cada classe se comportam como características diferentes e, conseqüentemente, os reprodutores seriam classificados de formas diferentes entre as classes de desvio-padrão, revelando a existência de interação genótipo-ambiente. De Veer & Van Vleck (1987) e Van Vleck (1987) encontraram correlações genéticas que variaram de 0,86 a 0,97 entre as classes de rebanhos, estratificadas de acordo com a média da produção de leite, para as classes de rebanho-ano-estação, em baixo, médio e alto níveis de produção. Boldman & Freeman (1990) e Freeman (1990) detectaram correlações genéticas, para produção de leite, que variaram de 0,90 a 1,02 entre os níveis de produção baixo, médio e alto. Costa (1998) verificou correlações genéticas de 0,997 e 0,985, para produções de leite e de gordura, respectivamente, entre as classes de

baixo e alto desvio-padrão fenotípicos da produção de leite. Torres (1998) observou correlações genéticas, para produção de leite, entre as classes de baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípicos, que variaram de 0,92 a 0,97.

Com tais resultados, presume-se que grande parte da origem da heterogeneidade de variâncias entre as classes de desvio-padrão fenotípicos seja resultante de fatores ambientais. Assim, quando se admitem variâncias constantes entre os rebanhos na avaliação genética dos animais, desconsiderando-se o nível de produção ou a variância estimada entre rebanhos, conforme resultados obtidos na análise geral, pode haver uma classificação errônea do mérito genético dos animais. Com as variâncias aumentando, as produções de filhas de reprodutores criadas em rebanhos mais variáveis, influenciariam mais a avaliação dos reprodutores que as produções de filhas criadas em rebanhos menos variáveis. Com a heterogeneidade de variância sendo de origem ambiental, os reprodutores poderiam estar sendo selecionados em razão do melhor ambiente em que suas progênes são criadas, do que de seus próprios méritos genéticos.

Boldman & Freeman (1990) e Freeman (1990) verificaram aumento das variâncias nos efeitos genéticos aditivos, no efeito permanente de meio e no efeito residual, à medida que aumentava o nível de produção de leite entre os rebanhos. As estimativas de herdabilidades, para os estratos de baixa, média e alta produção de leite, foram de 0,18, 0,22 e 0,24, respectivamente. Short *et al.* (1990) encontraram estimativas de componentes de variância de reprodutor e residual, para produção de leite, que aumentavam com o aumento do desvio-padrão fenotípico. Os componentes 9979ee c.38451 Tw 12.015 0 0 12.015 320.015 294.6 15 0

dos componentes de variância da classe de baixo para a classe de alto desvio-padrão fenotípico, com maior aumento na variância residual, resultando em maior estimativa de herdabilidade na classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

Torres (1998) constatou aumento das variâncias genética aditiva e residual, em decorrência do aumento do desvio-padrão das classes. A estimativa de herdabilidade da classe de alto desvio-padrão foi semelhante à da classe de baixo desvio-padrão, que foi menor que a da classe de médio desvio-padrão, como consequência de maior aumento da variância residual, em relação à variância genética aditiva, na classe de alto desvio-padrão fenotípico, em relação à classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

Shiotsuki *et al.*, (2004) em estudo com a raça Holandesa verificaram que para a produção de leite, as estimativas de herdabilidade foram iguais nos extratos de rebanho de alta e baixa produções e inferior no extrato de media produção.

4.3 SOLUÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DOS ANIMAIS

Dos 44 reprodutores que apresentaram proles com produções de leite, 15 deles possuíam proles em ambas classes de desvio-padrão fenotípico. As médias posteriores das soluções dos valores genéticos para a produção de leite desses reprodutores, número de observações e de filhas em cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análise geral, são apresentados na Tabela 6. As correlações de Spearman e de Pearson entre os 15 reprodutores ordenados pelos valores genéticos para a produção de leite na análise geral, com os valores genéticos obtidos nas classes de alto e baixo desvio-padrão são apresentados na Tabela 6.

Tabela 6 - Identificação do reprodutor, número de registros (NR), número de filhas (NF) e valores genéticos em cada classe de desvio-padrão fenotípico (VG) e em análise geral (VGG).

Identidade do Reprodutor	Alto desvio-padrão			Baixo desvio-padrão			Geral VGG
	NR	NF	VG	NC	NF	VG	
86	24	6	474,10	19	5	321,03	470,38
90	1	1	327,65	9	3	328,78	392,95
110	9	3	187,14	82	19	142,79	185,20
105	14	4	222,90	285	59	348,73	169,23
91	5	2	53,33	13	5	217,62	159,06
104	38	9	60,01	62	19	186,07	130,89
118	76	25	131,09	45	14	77,98	125,54
107	13	4	15,78	54	13	30,68	57,31
84	74	24	-23,69	45	17	21,86	19,55
93	23	9	-33,91	16	6	-104,53	-16,69
75	41	11	-167,63	133	33	112,46	-48,83
116	15	5	-139,75	62	15	-128,81	-65,43
85	2	1	-85,21	2	1	-132,44	-102,93
115	12	3	-212,65	19	7	-173,22	-173,68
117	80	24	-402,25	69	22	-164,61	-257,54

As correlações de Spearman e de Pearson entre os valores genéticos, obtidos em análise geral e em análise de cada classe de desvio-padrão fenotípico, para todos os reprodutores que tiveram proles avaliadas e para os 10 reprodutores com maiores valores genéticos para a produção de leite obtidos em análise geral, são apresentados na Tabela 7.

TABELA 7 – Correlação de Spearman e de Pearson (acima e abaixo da diagonal, respectivamente) para todos o reprodutores e para os dez melhores selecionados ignorando-se a heterogeneidade de variância.

Correlação entre todos os reprodutores (n=44)			
	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão
Geral	1	0,95	0,93
Alto desvio-padrão	0,94	1	0,89
Baixo desvio-padrão	0,93	0,85	1

Correlação entre os 10 melhores reprodutores(n=10)			
--	--	--	--

	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão
Geral	1	0,89	0,28
Alto desvio-padrão	0,94	1	0,44
Baixo desvio-padrão	0,47	0,45	1

Os valores das correlações entre valores genéticos dos reprodutores foram todas altas e positivas quando a amostra considerou todos os reprodutores, indicando que os mesmos seriam classificados de forma similar pelos seus valores genéticos preditos, considerando-se ou não a heterogeneidade de variâncias. Todavia, quando se selecionam os 10 melhores reprodutores para a produção de leite em análise geral, ou seja, ignorando-se a heterogeneidade de variâncias da produção de leite, o percentual de coincidência com a classe de alto desvio-padrão continua alto, porém a coincidência com a classe de baixo desvio-padrão é baixa (28 %).

Com base nas médias posteriores de componentes de (co) variância genética aditiva da produção de leite, obtidas em análise que considerou as classes de desvio-padrão, foram calculados os coeficientes de regressão genética das características, medidas na classe de baixo desvio-padrão fenotípicos, em razão da classe de alto desvio-padrão fenotípico (b_{AB}), o valor calculado correspondeu a $b_{AB}=0,513$. Esses valores representam o ganho genético esperado nos rebanhos de baixo desvio-padrão, por unidade de ganho genético obtido nos rebanhos de alto desvio-padrão.

De Veer & Van Vleck (1987) e Van Vleck (1987), ao estratificarem rebanhos de acordo com o nível de produção de leite, verificaram que os componentes de variância de reprodutor e residual, para produção de leite, aumentaram com o nível de produção. Ao verificarem o mesmo comportamento das estimativas de herdabilidades, concluíram que a seleção poderia ser mais eficiente quando realizada em rebanhos com alta produção.

As correlações de Spearman e Pearson entre os valores genéticos para produção de leite em fêmeas, obtidos em análises de geral e em análise em cada classe de desvio-padrão fenotípico (Tabela 8), demonstram que os valores genéticos obtidos sem considerar a heterogeneidade de variância foi mais correlacionado com a classe de alto desvio-padrão

considerar a variabilidade entre rebanhos, pois, se rebanhos mais variáveis contribuem com a maior parte dos animais, a seleção de reprodutor pelo desempenho de suas filhas, pode ser em função não apenas do seu potencial, mas também do ambiente no qual suas progênes expressam o fenótipo.

TABELA 8 – Correlação de Spearman e de Pearson (acima e abaixo da diagonal, respectivamente) para 10, 20, 30, 40,50 e todas as fêmeas melhores selecionadas ignorando-se a heterogeneidade de variância.

Correlação entre 10% da amostra (n=206)			
	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão
Geral	1	0,92	0,42
Alto desvio-padrão	0,95	1	0,54
Baixo desvio-padrão	0,31	0,42	1
Correlação entre 20% da amostra (n=412)			
	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão
Geral	1	0,82	0,40
Alto desvio-padrão	0,94	1	0,37
Baixo desvio-padrão	0,38	0,44	1
Correlação entre 30% da amostra (n=618)			
	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão
Geral	1	0,85	0,48
Alto desvio-padrão	0,93	1	0,53
Baixo desvio-padrão	0,48	0,54	1
Correlação entre 40% da amostra (n=824)			
	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão
Geral	1	0,88	0,62
Alto desvio-padrão	0,94	1	0,65
Baixo desvio-padrão	0,58	0,63	1
Correlação entre 50% da amostra (n=1030)			
	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão
Geral	1	0,88	0,69
Alto desvio-padrão	0,95	1	0,68
Baixo desvio-padrão	0,64	0,67	1
Correlação entre todas a fêmeas (n=2061)			
	Geral	Alto desvio-padrão	Baixo desvio-padrão

Geral	1	0,96	0,89
Alto desvio-padrão	0,96	1	0,91
Baixo desvio-padrão	0,84	0,89	1

5 CONCLUSÕES

Estudos que apresentem características semelhantes a este e que optem pela inferência bayesiana sob amostrador de Gibbs podem utilizar tamanho de cadeia próximo de 120.000, rounds com período e queima de 40.000 rounds, e tomada de amostra a cada 100 rounds, na geração de amostragem para obtenção de médias posteriores.

Existe variabilidade genética para a produção de leite em bubalinos explorados para a produção de leite. Esta variabilidade pode ser utilizada para ganhos genéticos consideráveis no processo de seleção.

Existe heterogeneidade de variâncias entre rebanhos que exploram a produção de leite em bubalinos, predominantemente da raça Murrah e, ainda, que a natureza dessa heterogeneidade de variâncias é resultante de fatores ambientais. A admissão de variâncias constantes entre os rebanhos na avaliação genética dos animais leva a uma classificação errônea do mérito genético dos melhores animais. Com a heterogeneidade de variância sendo de origem ambiental, os reprodutores são selecionados em razão do melhor ambiente em que suas progênes são criadas, do que propriamente pelos seus próprios méritos genéticos.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; RENNÓ, F. P.; PEREIRA, J. C.; TORRES FILHO, R. A.; ARAÚJO, S. I.; PIRES, A. V.; RODRIGUES, C. A. F. Heterogeneidade de variância na avaliação genética de reprodutores da raça pardo-Suíça no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 3, 2002, p. 1343-1349.

ARAÚJO, C.V. **Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça Holandesa**. Viçosa, MG: UFV, 2000. 80p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2000.

BADRAN, A. E.; BARNARY, A.; MAHDY, A. E.; ASSAR, G. M. Buffalo-Journal. Genetic and non-genetic factors affecting the lifetime production traits in Egyptian buffaloes. **Buffalo-Journal**, v.18, n.2, 2002, p. 235-241.

BARUSELLI, P. S. Manejo reprodutivo em bubalinos, Secretaria da agricultura e abastecimento. **Manual Técnico**, 1993, 46 p.

BASU, S.B. & GHAI, A.S. Studies on milk production in Murrah buffaloes. **Indian Journal Animal Science**, v 48, n. 8, 1978, p. 593-596.

BOLDMAN, K. G. & FREEMAN, A. E. Adjustment for heterogeneity of variance by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 2, 1990, p. 503-512,.

CASELLA, G. & GEORGE, E.I. Explaing the Gibbs Sampler. **The American Statistician**, v. 46, n.3, 1992, p. 167-174.

CIENFUEGOS-RIVAS, E.G.; OLTENACU, P.A.; BLAKE, R.W.; SCHWAGER, S.J.; CATILLO-JUAREZ, H.; RUIZ, F.J. Interaction between milk yeild of holstein cows in Mexico and the United States. **Journal of Dairy Science**, v.82, n.10, 1999, p.2218-2223.

COSTA, C. N. **Genetic relationships for milk and fat yields between Brazilian and United States Holstein cattle populations**. Ithaca (NY): Cornell University, 1998. 175 p. Thesis (Doctor of Philosophy) - Ithaca (NY), 1998.

COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and United States. **Journal Dairy Science**, v.83, n.12, 2000, p.2963-2974.

COSTA, C. N.; CASTRO, R.P.; HAQUIHARA, K. Genetic progress in Holstein cattle in Brazil. In: Congresso Holstein de las Américas, 6.,2001, São Paulo. **Anais**. p.106-120.

DE VEER, J. C. & VAN VLECK, L. D. Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. **Journal of Dairy Science**, v. 70, n. 7, 1987, p. 1434-1441.

DICKERSON, G.E. Implication of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, v.4, n.1, 1962, p.47-63.

DONG, M. C. & MAO, I. L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 3, 1990, p. 843-851.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **The American Naturalist.**, v.86, n.830, 1952, p.293-298.

FREEMAN, A. E. Cytoplasmic inheritance associated with economic traits—Phenotypic and molecular differences. **4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. XIV Dairy Cattle Genetics and Breeding, Adaptation, Conservation**. Pages 140-143.

GARRICK, D. J. & VAN VLECK, L. D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. **Journal of Animal Science**, v. 65, n. 2, 1987, p. 409-421.

GIANOLA, D. Selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 72, n. 5, 1986, p. 671-677.

GIANOLA, D. & FERNANDO, R.L. Bayesian Methods in Animal Breeding Theory. **Journal Animal Science**, v. 63, 1986, p. 217-244.

GOGOI, P.K.; JOHAR, K.S.; SINGH, A. Genetic analysis of milk yield in Murrah buffaloes. **Indian Veterinary Journal.**, v.62, n.11, 1985, p.970-975.

GRASER, H. U.; SMITH, S. P.; TIER, B. A. Derivate free approach for estimating variance component in animal models by restricted maximum likelihood. . **Journal Animal Science**, v. 64, 1987, p.1362-1370.

GURNANI, M.; NAGARCENKAR, R.; GUPTA, S.K. Performance in different lactations and repeatability of economic characters in Murrah buffaloes. **Indian Journal Dairy Science**, v.29, n.2, 1976, p.117-122.

HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biological Review**, v.22, n.2, 1947, p.195-213.

HENDERSON, C. R. **Application of linear models in animal breeding**. Ithaca: University of Guelph, 1984. 462 p.

HILL, W. G. On selection among groups with heterogeneous variance. **Animal Production**, v. 39, n. 3, 1984, p. 473-477.

HILL, W. G.; EDWARDS, M. R.; AHMED, M. K. A.; THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. **Animal Production**, v.36, n.1, 1983, p. 59-68.

HOURI NETO, M. **Interação genótipo-ambiente e avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa, usados no Brasil e nos Estados Unidos da América**. Belo Horizonte, MG: UFMG, 1996. 204p. Tese (Doutorado em Melhoramento Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1996.

KACKAR, R. N. & HARVILLE, D. A. Approximations for standard errors of estimators of fixed and random effects in mixed linear models. **Journal of the American Statistical Association**, v.79, 1984, p.853-862.

KURALKAR & RAHEJA , K. L. 1997. Relationships among early performance, lifetime production and reproduction traits in Murrah buffaloes. **Indian Journal Animal Science**, v.67, n.9, 1997, p.798-801.

LOFGREN, D. J.; VINSON, W. E.; PEARSON, R. E. Heritability of milk yield at different herd means and variance for production. **Journal of Dairy Science**, v. 68, n. 10, 1985, p. 2737-2739.

LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. Ames: Iowa State College, 443p., 1945.

MARQUES, J.R.F. **Avaliação genético-quantitativa de alguns grupamentos raciais de bubalinos** (*Bubalus bubalis*, L.). Botucatu: FMVZ, 1991. 134p. Tese (Doutorado em Genética) - Instituto de Biociências - Universidade Estadual Paulista, 1991.

MATHUR, A.K. & MATHUR, B.S.L. Murrah buffaloes in their breeding tract. **Indian Journal Animal Science**, v.62, n.10, 1992, p.961-967.

MEUWISSEN, T. H. E. & VAN DER WERF, J. H. J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. **Livestock Production Science**, v. 33, 1993, p. 31-41.

NOGUEIRA, Denismar Alves; SÁFADI, T. . Desenvolvimento Bayesiano no Melhoramento Animal. In: X Congresso de Pós - Graduação da UFLA, 2001, Lavras. **Anais**, 2001. p. E010.

PATTERSON, H.D. e THOMPSON, R. Recovery of Interblock Information when Block Sizes Unequal. **Biometrika**, v.58, 1971, p.545-554.

PROMEBUL: sumário de touros bubalinos / Coordenador Alcides de Amorim Ramos ; Francisco S. Wechsler, Valter Joost Van Onselen, Heraldo César Gonçalves. – Botucatu : UNESP/FMVZ, 2004 37 p. : tabs. – (PROMEBUL. **Boletim técnico**; nº 2) .

REIS, J. C. & LÔBO, R. B. **Interação genótipo x ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: Gráfica e Editora F. C. A. (FEI), 183p. 1991.

RORATO, P.R.N.; VAN VLECK, D.; VERNEQUE, R.S. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Brasil. 2. Uso de um modelo animal. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, 2000, p.2030-2035 (Suplemento 1).

ROSATI, A. & VAN VLECK, L. D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and mozzarella cheese production in the Italian river buffalo population. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, Armidale, Austrália. **Proceedings...** Armidale, 1998, v.24. p.459-462.

ROSATI, A. & Van VLECK, -L.D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and Mozzarella cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. **Livestock Production Science**, v.74, n.2, 2002, p.185-190.

SEARLE, A.G. Private communication. **Mouse News Letter**, v.34, n.28, 1966.

SHARMA, R.C. & SINGH, B.P. Genetic studies no murreh buffaloes in livestock farms in Uttar Pradesh. In: WORLD BUFFALO CONGRESS, 2,1988, New Delhi, India. **Proceedings...** New Delhi, 1988. p.128-133.

SHIOTSUKI, L.; MARCONDES, Cintia Righetti ; NOMELINI, J. ; CARVALHO, C. S. ; NASCIMENTO, T. R. ; LOBO, R. B. / LÔBO, R. B. Criação e impacto do uso de touros geneticamente superiores da raça Nelore padrão. In: Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2004, Pirassununga. **Anais do V Simpósio Nacional de Melhoramento Animal**. Pirassununga : SBMA, 2004.

SHORT, T. H.; BLAKE, R. W.; QUAAS, R. L. Heterogeneous within-herd variance: genetic parameters for first and second lactations milk yield of grade Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 11, 1990, p. 3312-3320.

SMITH, S.P. & GRASER, H-U. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. **Journal Dairy Science**, v.69, 1986, p.1156-1165.

STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D.; CARABAÑO, M.J. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, México and Porto Rico. **Journal of Dairy Science**, v.74, n.5, 1991b, p.1700-1714.

STATISTICAL ANALISYS SYSTEM INSTITUTE. **SAS User's Guide**: Statistics version 6, fourth edition. Cary: SAS Intitute Inc., 1990. 1686 p.

TEIXEIRA, N.M.; FREITAS, A. F.; FERREIRA, W. J.; DURÃES, M. C.; BARRA, R. B. Ajustamento para heterogeneidade de variância da produção de leite de vacas da raça holandesa no estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n.1, 2002, p.369-375 (Suplemento 1).

TONHATI, H. Melhoramento genético de bubalinos para carne e leite. In: OLIVEIRA, G.J.C.; ALMEIDA, A.M.L.; SOUZA FILHO, U.A.S. **O búfalo no Brasil**. Cruz das Almas: UFBA-Escola de Agronomia, 1997, p.101-113.

TONHATI, H. & VASCONCELLOS, B.F. Genetic aspects of productive and reproductive traits in murrh buffaloes herd in São Paulo, Brasil. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, Armidale, Austrália. **Proceedings...**Armidale, 1998, v.24, p.485-488.

TONHATI, H.; VASCONCELLOS, B.F.; WALDIGE, V. Sazonalidade de partos, repetibilidade e fatores que afetam a produção de leite e a duração da lactação em búfalos da raça Jafarabadi. **Veterinária Notícias**, v. 4, n.1, 1998, p.89-95.

TONHATI, H.; MUÑOZ, M.F.C.; OLIVEIRA, J.A.; DUARTE, J.M.C.; FURTADO, T.P.; TSEIMAZIDES, S.P. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, 2000, p.2051-2056.

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

TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil**. Belo Horizonte, MG: UFMG, 1998. 123p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.

TRIVINI, D.; BHARAT, B; SANJEEV, K. Genetic parameters of first lactation performance traits in Murrh buffaloes. **Indian Journal of Animal Sciences**, v.71, n.4, 2001, p. 394-395.

UMRIKAR, O.D., DESHPANDE, K.S. Studies on lactation milk yield in murrh buffaloes. **Cheiron**, v.14, n.3, 1985, p151-162.

VALÊNCIA, E. F. T.; RAMOS, A. A.; WECHSLER, F. S.; GONÇALVES, H. C. Heterogeneidade dos componentes de variância na produção de leite de rebanhos dos estados de São Paulo e Paraná, Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35, 1998, Botucatu. **Anais...** Botucatu: SBZ, 1998. p. 488-490.

VAN DER WERF, J. H. J.; MEUWISSEN, T. H. E.; DE JONG, G. Effects of correction of variance on bias and accuracy of breeding value estimation in dutch dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 10, 1994, p.3174-3184.

VAN VLECK, L. D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. **Journal of Dairy Science**, v. 70, n. 1, 1987, p. 337-344.

VAN TASSEL, C.P. & VAN VLECK, L. D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co) variance component inference. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 74, 1996, p. 2586-97.

VAN TASSEL, C.P.; CASELLA, G.; POLLAK, E.J. Effects of selection on estim