



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
NÚCLEO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DESENVOLVIMENTO RURAL
EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – AMAZÔNIA
ORIENTAL
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL**

GISELE DO SOCORRO AMARAL REZENDE

**ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE SOBRE
A PRODUÇÃO DE LEITE EM REBANHOS DA RAÇA
PARDO-SUIÇO NO BRASIL, UTILIZANDO INFERÊNCIA
BAYESIANA.**

**Belém
2008**

GISELE DO SOCORRO AMARAL REZENDE

**ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE SOBRE
A PRODUÇÃO DE LEITE EM REBANHOS DA RAÇA
PARDO-SUIÇO NO BRASIL, UTILIZANDO INFERÊNCIA
BAYESIANA.**

Defesa de Dissertação como parte integrante para obtenção do Grau de Mestre em Ciência Animal. Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal. Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural. Universidade Federal do Pará. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Amazônia Oriental. Universidade Federal Rural da Amazônia. Área de Concentração: Produção Animal. Orientador: Prof^o Dr. Cláudio Vieira de Araújo.

**Belém
2008**

**A minha avó materna e a minha mãe
com todo amor e carinho.**

AGRADECIMENTOS

A Deus por ter me dado coragem e força para enfrentar os obstáculos que surgiram nesta jornada que não foi fácil.

À Universidade Federal do Pará.

Ao Professor Cláudio Vieira de Araújo pela orientação competente, conhecimento transmitido, conselhos, críticas enfim pela sua presença marcante.

A minha querida mãe Maria do Socorro por ter me ensinado a lutar pelos meus sonhos, e nunca ter me deixado desistir.

Ao Wallace por me acompanhar até altas horas da noite a escrever essa dissertação.

A todos os amigos que acreditaram em mim e que me acompanharam nessa jornada.

“As decisões são apenas o começo de alguma coisa. Quando alguém toma uma decisão, na verdade, está mergulhando numa correnteza poderosa, que leva a pessoa para um lugar que jamais havia sonhado na hora de decidir”

Paulo Coelho (O Alquimista).

SUMÁRIO

1-	INTRODUÇÃO	10
2-	REVISÃO DA LITERATURA	12
3-	MATERIAL E MÉTODOS	18
3.1-	MATERIAL	18
3.2-	MÉTODOS	19
3.2.1-	Modelos	19
a)	Análises de características simples que não consideram as classes de desvios-padrão fenotípicos	19
b)	Análise que considera a produção de leite cada classe de desvio-padrão fenotípico como características distintas	22
c)	Correlação entre os valores genéticos	24
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
5	CONCLUSÃO	34
	REFERÊNCIAS	35

LISTA DE TABELAS

Tabela 1-	Estimativas de médias, desvio-padrão, coeficiente de variação e número de observações para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão em análise geral.	25
Tabela 2-	Médias posteriores e intervalo de credibilidade de componentes de variância genética aditiva e residual para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral.	26
Tabela 3-	Médias posteriores e intervalo de credibilidade das estimativas de herdabilidade para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral.	28
Tabela 4-	Distribuição de percentis das estimativas de herdabilidade para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral.	29
Tabela 5-	Médias e correlações de Spearman (acima da diagonal) e Pearson (abaixo da diagonal) entre valores genéticos preditos nas classes baixo e alto desvio-padrão e em análise geral.	32

LISTA DE FIGURAS

Figura 1-	Histograma de médias posteriores de componentes de variâncias para produção de leite (Kg) para vacas da raça Pardo-Suíço do Brasil, nos extratos de baixo e alto desvio-padrão.	27
Figura 2-	Histograma e Box-plot para as estimativas de herdabilidade para a produção de leite em análise geral.	30
Figura 3-	Histograma e Box-plot para as estimativas de herdabilidade para a produção de leite na classe de baixo desvio-padrão fenotípico.	30
Figura 4-	Histograma e Box-plot para as estimativas de herdabilidade para a produção de leite na classe de alto desvio-padrão fenotípico.	31

RESUMO

Verifica a presença de heterogeneidade de variâncias sobre a produção de leite na primeira lactação de fêmeas da raça Pardo-Suíço e, seu impacto sobre a avaliação genética dos reprodutores, utilizando a inferência Bayesiana por meio de amostrador de Gibbs, foram utilizados 2981 registros referentes às produções de leite e idade da vaca ao parto, em primeiras lactações de vacas da raça Pardo-Suíço, distribuídos em 62 rebanhos. Os registros foram provenientes do serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira de Criadores de Gado Pardo Suíço, com os partos ocorridos entre os anos de 1980 a 2002. Foram estabelecidas duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite. Posteriormente, os dados foram analisados desconsiderando e considerando as classes de desvio-padrão. 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 $5802,02 \pm 1929,96$, $4844,37 \pm 1592,99$, $5373,47 \pm 1849,13$, 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 a produção de leite entre as classes de desvio-padrão foi igual a 0,48. As correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos para a produção de leite obtidos na análise geral, com os valores obtidos em cada classe de desvio-padrão foram todas maiores que 0,80, quando se considerou todos os reprodutores. Porém, refinando a amostra de reprodutores verifica-se que, as correlações diminuem em magnitude. Existindo uma maior variabilidade nos rebanhos presentes na classe de alto desvio-padrão e, o impacto dessa heterogeneidade de variância sobre a avaliação genética de reprodutores, é pequeno, pois a fonte principal dessa heterogeneidade é decorrente de fatores genéticos confirmando a presença de heterogeneidade de variâncias.

Palavras-chave: Pardo – Suíço. Avaliação genética. Inferência bayesiana. Heterogeneidade de variância. Correlações de Pearson e Spearman.

ABSTRACT

Checks for the presence of heterogeneity of variances on milk production in first lactation of females of Brown Swiss and, impact on genetic evaluation of breeding, using the Bayesian inference using Gibbs sampling we used 2981 records on milk yield and age at calving in first lactation of Holstein Brown Swiss, distributed in 62 herds. The records were from the service of dairy control of the Brazilian Association of Breeders of Brown Swiss cattle, with births occurring between the years 1980 to 2002. Established two classes of phenotypic standard deviation for milk production. Subsequently, the data were analyzed ignoring and considering the classes of standard deviation. The means and standard deviations for milk production in the classes of high and low standard deviation and analysis were generally equal to 5802.02 ± 1929.96 , 4844.37 ± 1592.99 , 5373.47 ± 1849.13 respectively. The averages for the later components of variance were higher in the high standard deviation. The heritability obtained in the high standard deviation was close to the value observed in the overall analysis and less than the value found in the low phenotypic standard deviation. The genetic correlation for milk production between the classes of standard deviation was equal to 0.48. Pearson and Spearman correlation coefficients and coefficient between breeding values for milk production obtained in the overall analysis, with the values obtained for each class of standard deviation were all higher than 0.80, when considering all breeding. However, refining the sample of players shows that the correlations decrease in magnitude. If there is a greater variability present in flocks in the high standard deviation, and the impact of this heterogeneity of variance on genetic evaluation of breeding is small because the main source of this heterogeneity is due to genetic factors confirming the presence of heterogeneity of variances.

Key-words: Pardo - Swiss. Genetic evaluation. Bayesian inference. Heterogeneity of variance. Pearson and Spearman.

1- INTRODUÇÃO

A possibilidade de existência da interação genótipo x ambiente e sua ação sobre a seleção dos animais não é novidade para os melhoristas. Lush (1945) recomendou que os animais deveriam ser avaliados nos ambientes em que seriam utilizados. Controvérsias por parte de Hammond (1947), que recomenda, visando o aumento de acurácia, que a seleção deveria ser praticada em ambientes melhores, devido à maior expressão dos genes de interesse.

Em face das evidências sobre a interação genótipo ambiente, Falconer (1952), introduziu o conceito de correlação genética entre as manifestações fenotípicas da mesma característica em ambientes diferentes. Se a correlação da mesma característica expressa em diferentes ambientes for próxima da unidade, então os mesmos grupos gênicos atuam de mesma forma em diferentes ambientes, caso contrário, é indício da interação genótipo ambiente.

Robertson et al. (1960) identificaram a necessidade de detectar se a herdabilidade diferiria entre os ambientes e se a classificação dos touros seria influenciada. Nesta situação, a causa da interação genótipo ambiente seria em função da presença da heterogeneidade de variâncias.

Quando a heterogeneidade de variância é desprezada, embora esteja presente, a produção das filhas de determinado reprodutor será ponderada na proporção dos desvios-padrão dos rebanhos nos quais essas filhas foram criadas. O resultado é que as produções das filhas, oriundas de rebanhos com maiores variâncias, influenciarão mais a avaliação de reprodutores do que a de filhas oriundas de rebanhos com menores variâncias. No caso de as filhas dos diversos reprodutores serem distribuídas, uniformemente, entre os rebanhos com variação diferente, nenhum vício seria observado. Entretanto, se as estimativas de herdabilidades também diferirem entre os rebanhos, a acurácia das avaliações genéticas dos animais seria reduzida, em razão de não serem consideradas essas diferenças (TORRES, 1998).

A estimação de componentes de variância para gado de leite tem incluído pesquisas sobre homogeneidade de variância entre classes de rebanho- ano-estação de parto. Ainda que os números de dados em cada rebanho/ano/estação seja, geralmente, insuficiente para realizar a estimação de componentes de variância dentro de rebanho, rebanhos similares têm sido

agrupados e os componentes, obtidos, separadamente, para cada grupamento (HILL et al., 1983; MIRANDE; VAN VLECK, 1985). Estes e outros estudos evidenciaram a existência de heterogeneidade de variâncias entre ambientes.

O conhecimento do potencial produtivo de animais destinados à produção leiteira e dos fatores que interferem na expressão deste potencial são primordiais para que sejam delineados os objetivos finais daquela exploração pecuária e ainda, quais atitudes deverão ser tomadas para a plena produção dos animais selecionados para determinado sistema de produção. Uma característica peculiar da pecuária brasileira, principalmente a leiteira, é a grande variabilidade de sistemas de produção. Isto torna ainda mais difícil a correta escolha de determinada raça ou cruzamento de bovinos para tais rebanhos (RENNÓ et al., 2002).

Desta forma, a presença de heterogeneidade de variâncias sobre a produção de leite pode comprometer o resultado final do processo de seleção, visto que se a fonte dessa heterogeneidade for devido a fatores ambientais a seleção será realizada mais em função do ambiente do que do próprio genótipo.

O objetivo deste estudo foi verificar a presença da heterogeneidade de variâncias sobre a produção de leite na primeira lactação de fêmeas da raça Pardo Suíço e, seu impacto sobre a avaliação genética de reprodutores.

2- REVISÃO DE LITERATURA

A raça Pardo-Suíço é uma das raças bovinas mais antigas e mais puras que se conhece, por apresentar diferentes qualidades como: quantidade e qualidade de leite, carne e habilidade para o trabalho, sendo assim tem se tornado uma raça muito apreciada pelos pecuaristas. Escavações arqueológicas realizadas nos pés dos Alpes mostram ossadas de bovinos semelhantes ao Pardo-Suíço original de 4.000 aC., os quais eram animais de tripla-aptidão: carne, leite e tração. No final do século XIX, esta genética original foi introduzida nos EUA e selecionada para a produção leiteira, dando origem ao que intitulamos de linhagem Brown Swiss. No Brasil, a raça chegou no início do século XX, através de importações oficiais, sob patrocínio do governo. Em 1938, foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Gado Pardo-Suíço. Atualmente, esta raça detém o segundo maior rebanho especializado em produção de leite, criado no Brasil. No entanto, esta raça é originária de países temperados e seus índices de produção nacional ainda estão aquém da produção verificada nos países de clima temperado (ABCPS, 2008).

A capacidade de adaptação do Pardo-Suíço ao clima tropical resulta em maior longevidade, permitindo ao criador obter um número maior de lactações lucrativas. Outro diferencial econômico para o Pardo-Suíço, no Brasil, é o cruzamento com raças zebuínas, em busca de heterose, conferindo um animal precoce, com bom rendimento de carcaça e carne com marmoreio, proporcionando maior maciez e sabor a carne. A resistência ao calor permite que os touros acompanhem os rebanhos zebuínos. A uniformidade das crias pode ser observada, já na primeira cruza (F1). No Brasil, o Pardo-Suíço é cruzado basicamente, com quatro raças diferentes: Girolando (rusticidade e persistência de lactação), Indubrasil (carne e produção de leite), Guzerá (produção de leite) e Gir (aumento da produção de leite) (JÚNIOR, 2008). Um fator preocupante sobre o desempenho de animais para a produção de leite, em diferentes ambientes, é a presença da interação genótipo e ambiente.

O potencial genético dos animais é expresso na medida em que as condições ambientais o permitem. O ambiente não modifica a constituição genética do indivíduo, ainda que os fatores ambientais determinem a extensão com a qual se expressa o genótipo (WARWICK ; LEGATES, 1980; CRUZ ; REGAZZI, 1997; CERÓN-MUNÓZ, 2004). Entretanto, a interação genótipo x ambiente implica que o melhor genótipo em um ambiente poderia não o ser em outro, como exemplo, uma raça com alta produção de leite em clima

temperado, pode não apresentar a mesma superioridade em clima tropical (FALCONER, 1989; ARAÚJO, 2001).

Sendo assim, a expressão fenotípica requer ação do ambiente, ao passo que qualquer melhoria no ambiente, visando aumento de produtividade, fica condicionado à ação do genótipo dos indivíduos. Portanto, a interação é essencial para o processo de seleção, onde ações de ordem genéticas e ambientais influenciam o desempenho do animal, e suas extensões devem ser estudadas para avaliar a sua importância econômica (DICKERSON, 1962).

Packer (1985) relatou que a expressão fenotípica de determinado animal, submetido a um ambiente específico, seria consequência, além dos genes responsáveis pela expressão da característica, da ação de genes relacionados com a adaptação do animal ao ambiente ao qual está submetido. A expressão fenotípica dos genes ligados diretamente à expressão da característica ficaria comprometida quando ocorressem alterações nas condições de ambiente, em razão da ausência da expressão de alelos de genes responsáveis pela adaptabilidade do animal ao novo ambiente.

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 seria atribuída a casos em que bases genéticas diferentes estariam atuando em diferentes ambientes. Nesse caso, a correlação genética entre as expressões fenotípicas nos diferentes ambientes seriam, substancialmente, menor que a unidade. Na segunda situação, caracteriza-se a interação genótipo x ambiente como resultante da heterogeneidade de variância genética e ambiental, como no caso das avaliações de características simples, em que os reprodutores teriam a mesmas classificações em diferentes ambientes, mas as diferenças na resposta à seleção das filhas e nos valores genéticos dos touros seriam menores no ambiente com menor variabilidade.

A interação genótipo-ambiente (IGA) pode ser definida como a mudança no desempenho relativo de genótipos em diferentes ambientes. Sendo que algumas vezes, pode envolver mudanças na ordem de classificação dos genótipos e/ou na magnitude absoluta ou relativa das variâncias genética, de ambiente e fenotípica (FERREIRA et al., 2001).

A comparação do desempenho de progênes de touros entre ambientes, pelas técnicas de análise de variância, pode ser considerada uma forma de demonstrar a presença da IGA (NOTTER et al., 1992; BITTENCOURT, 1993; MEYER, 1995; HOURI NETO, 1996; TORRES, 1998). Entretanto, Dickerson (1962) alerta que podem existir problemas ao trabalhar com dados coletados em campo, sugerindo que pelo menos parte do efeito da interação do reprodutor com o rebanho se deve à heterogeneidade de variância do resíduo

e/ou genética aditiva dentro de cada rebanho. Isso pode ser devido ao uso de um número pequeno de reprodutores, acasalamentos direcionados e tratamentos preferenciais em cada rebanho.

Considerando o valor médio de herdabilidade verificado em literatura, pode-se dizer que nas populações, existe suficiente variação genética entre os indivíduos para aplicação dos métodos de seleção para a produção de leite. 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 (CARDOSO, 2005).

Vários estudos comprovam a existência de heterogeneidade de variâncias genética, residual, fenotípica e de ambiente permanente para características de produção, em relação à região, ao nível de produção e ao rebanho, entre outros fatores (HILL et al., 1983; FAMULA, 1981; BOLDMAN; FREEMAN, 1990; COSTA, 1999; FALCÃO et al., 2006). Portanto, nesses casos, a premissa de homocedasticidade das variâncias não tem sustentação e admiti-las nos modelos pode implicar na introdução de viés nas avaliações dos animais.

Se a IGA for incluída no modelo de avaliação genética a influência das observações provenientes de poucos rebanhos será mais limitada na avaliação dos reprodutores, podendo não afetar consideravelmente a avaliação de animais com progênes em muitos rebanhos. No entanto, ignorá-la aumentaria as estimativas de variância genética aditiva, o que levaria à subestimação dos valores genéticos dos reprodutores e de sua acurácia. Portanto, este efeito é mais importante para avaliação de touros em serviço de monta natural que aqueles utilizados em inseminação artificial, uma vez que para estes, espera-se que possuam maior número de filhas distribuídas em vários rebanhos e que a correlação de meio ambiente entre as mesmas no mesmo rebanho seja menor que aquela entre filhas em poucos rebanhos (TEIXEIRA et al., 1992).

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; CARDOSO, 2005).

Se as variâncias não são as mesmas entre os rebanhos com diferentes níveis tecnológicos, mas são assumidas como homogêneas, os animais podem ser classificados erroneamente, visto que as vacas de rebanhos superiores e os reprodutores com a maioria de suas filhas em rebanhos com maiores variâncias tenderiam a ter seus méritos genéticos

superestimados. As produções das filhas provenientes de rebanhos mais variáveis teriam maior influência na avaliação do reprodutor, visto que a produção destas filhas é ponderada na proporção dos desvios-padrão dos rebanhos em que foram criadas (TORRES et al., 2000; CARNEIRO et al., 2006).

Um problema de grande relevância quanto à heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos leiteiros, está no fato de que os animais acima da média, nos rebanhos que apresentam maior variação podem ter seus valores genéticos superestimados (BROTHERSTONE; HILL, 1986; EVERETT et al., 1982). Portanto, grande parte dos reprodutores e das matrizes pode ser selecionada de rebanhos que apresentam maior variabilidade. A avaliação de reprodutores pode constituir-se em problema se os touros não são usados homoganeamente entre rebanhos.

A maioria dos estudos sobre a presença de heterogeneidade de variância relata que as variâncias genética e ambiental aumentam com a elevação da produção média de leite no rebanho (MIRANDE; VAN VLECK, 1985; DE VEER; VAN VLECK, 1987; BOLDMAN; FREEMAN, 1990), afetando diretamente as estimativas de coeficientes de herdabilidade. Vários estudos em rebanhos da raça Holandesa mostraram tendência de aumento nas herdabilidades com o acréscimo na média de produção (HILL et al., 1983; BOLDMAN; FREEMAN, 1990; DONG; MAO, 1990; VALENCIA et al., 1998).

Para estimar os componentes de (co) variância, De Veer e Van Vleck (1987) estratificaram os dados de produção de leite em três níveis (baixo, médio e alto), considerados como três características. Entretanto, segundo Famula (1981), a determinação da existência de heterogeneidade de variância entre grupos de rebanhos, baseada na estratificação dos dados pela produção média de leite do rebanho, equivale a selecionar pelas médias dos rebanhos, o que possibilita estimativas viesadas das variâncias genética e residual.

Com objetivo de investigar a heterogeneidade de variância e a interação genótipo x ambiente, através de registros de produção de leite ajustados para 305 dias de lactação (PL 305) nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul Falcão et al. (2006) encontraram médias e os desvios-padrão de herdabilidade obtidas para esses cinco estados, que foram $0,280 \pm 0,021$, $0,233 \pm 0,015$, $0,280 \pm 0,012$, $0,393 \pm 0,026$ e $0,382 \pm 0,022$, respectivamente. Houve uma baixa magnitude das correlações genéticas entre os estados, ou seja, 0,070 a 0,364, sugerindo a existência da interação genótipo x ambiente, logo, as PL 305 em cada estado devem ser tratadas como características diferentes. Os maiores valores de correlação genética foram encontrados em São Paulo e Paraná. As variâncias genética e residual para PL 305 foram significativamente diferentes entre a maioria

dos estados.

Martins (2002) destacou como causas da heterogeneidade entre rebanhos as diferenças na composição genética da população causadas por seleção, a composição racial, diferenças na intensidade de seleção ou interação genótipo x ambiente. Vários outros autores relataram que a composição genética dos rebanhos também é um dos fatores responsáveis pela heterogeneidade entre rebanhos.

Carneiro et al. (2006) com o objetivo de quantificar o efeito da heterogeneidade entre rebanhos para diferentes parâmetros sobre a classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente superiores e avaliar a relação entre heterogeneidade e conectividade genética. Observaram que a heterogeneidade entre rebanhos para parâmetros como variância genética, média fenotípica e variância fenotípica não prejudicam a avaliação genética dos animais. Entretanto, a presença de médias genéticas diferentes entre rebanhos prejudica a acurácia da predição dos valores genéticos de touros e, principalmente, de vacas e touros jovens, acarretando grandes erros na classificação dos animais geneticamente superiores. Quanto à presença de heterogeneidade para média genética, a conectividade genética entre rebanhos melhorou a predição dos valores genéticos de touros, porém, os erros na classificação de vacas e touros jovens ainda permaneceram altos.

Mediante estudos de simulação com um modelo animal Canavesi et al. (1995) concluíram que quando a inclusão da interação touro x rebanho não afeta os dados, reduz a precisão da estimativa dos valores genéticos, não sendo recomendada a sua inclusão para simplesmente ajustar a heterogeneidade de variância entre rebanhos.

As frações selecionadas dos ambientes mais variáveis aumentam quando a intensidade de seleção e a diferença nas variâncias aumentam. Este aumento na fração selecionada se justifica se a herdabilidade for maior no ambiente mais variável (COSTA, 1999).

Assumir variâncias homogêneas não tem grande efeito nas avaliações de reprodutores se estes 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.

Além de seus efeitos nas avaliações genéticas, a heterogeneidade de variância entre ambientes tem um efeito importante nos ganhos de seleção. O impacto da seleção de touros

para aumento da produção de leite é maior em rebanhos com maior produção do que em rebanhos de menor produção média (POWELL; NORMAN, 1983). Em estudo similar Meinert et al. (1988) e Meinert et al. (1992) observaram maiores respostas à seleção com aumento do desvio padrão da produção de leite por rebanho-ano.

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; CARDOSO, 2005).

Cerón-Munõz et al. (2004) estudaram a existência da interação genótipo-ambiente (IGA) na produção de leite (PL) de bovinos da raça Holandesa do Brasil e da Colômbia. As estimativas de herdabilidade foram iguais a 0,31 e 0,28, respectivamente. A correlação genética da produção de leite entre o Brasil e a Colômbia foi 0,74, evidenciando resposta à seleção potencialmente diferente à esperada pelo uso de sêmen importado nos dois países. Portanto, cada país deve estruturar seus próprios programas de avaliação genética, orientados em seus objetivos nacionais já que existe inconsistência da superioridade dos genótipos com a variação ambiental.

Costa et al. (2004) utilizando registros de produção de leite e de gordura de animais puros e cruzados da raça Gir em diferentes Estados do Brasil, observaram que as variâncias genéticas aditivas para produção de leite e para gordura nas vacas puras foram o triplo das estimadas em vacas mestiças. Quanto às estimativas de correlação genética e de herdabilidade das produções de leite e de gordura foram também maiores nas vacas puras. Entretanto, as correlações de ordem entre os valores genéticos para produção de leite de animais puros e mestiços foram superiores a 0,96.

Ao investigar a heterogeneidade de variância para produções de leite e gordura em vacas da raça Holandesa utilizando registros de primeira lactação ajustada para 305 dias e para idade adulta. Costa (1999) encontrou herdabilidade para produção de leite dos rebanhos pertencentes à classe de alto desvio-padrão fenotípico inferior à estimada para os rebanhos de classe de baixo desvio-padrão (0,22 e 0,30, respectivamente).

Analisando dados do efeito da heterogeneidade de variância sobre a avaliação genética de vacas e touros da raça Holandesa criados no Brasil, Torres et al. (2000) classificaram os rebanhos em três classes de desvio-padrão fenotípico. As produções de leite médias e os componentes de variância genética, residual e fenotípica aumentaram com o aumento do desvio-padrão da classe. As correlações entre os valores genéticos para as classes de baixo, médio e alto desvios-padrão obtidos nas análises conjuntas (considerando como diferentes a expressão da característica nas três classes) e os obtidos na análise geral (todas as classes como única característica) foram próximas à unidade. Entretanto, os reprodutores apresentaram maiores valores genéticos em rebanhos das classes de alto desvio-padrão. Na avaliação genética é importante considerar a variabilidade entre rebanhos, pois, sob seleção, as classes mais variáveis contribuíram com a maior parte dos animais, e a avaliação genética do animal poderia ser função não apenas do seu potencial genético, mas também do ambiente no qual suas progênes expressaram a característica.

3- MATERIAL E MÉTODOS

3.1- MATERIAL

Foram utilizados 2981 registros referentes às produções de leite e idade da vaca ao parto, em primeiras lactações de vacas da raça Pardo-Suíço, distribuídos em 62 rebanhos. Os registros são provenientes do serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira de Criadores de Gado Pardo Suíço, com os partos ocorridos entre os anos de 1980 a 2002. Sendo que os registros foram agrupados em quatro épocas, segundo o mês de parto: janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro.

Foi gerado, também, um arquivo de “pedigree”, o qual permitirá a sua utilização em todas as análises, contendo a identificação de animal, pai e mãe, resultando em 17.664 indivíduos diferentes identificados na matriz de parentesco.

3.2- MÉTODOS

Com o objetivo de verificar a presença de heterogeneidade de variâncias entre rebanhos, eles foram classificados em duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite, com base no valor do desvio-padrão da produção de leite. Assim os dados foram analisados em duas situações, na primeira foram desconsideradas as classes de desvio-padrão fenotípico, na qual foram obtidos 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.

Para a análise dos dados foi utilizada a inferência Bayesiana, por meio do amostrador de Gibbs, no aplicativo MTGSAM (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1996).

Segundo Carneiro Júnior et al. (2007) o aumento do nível de conhecimento da informação *a priori* conduz as melhores estimativas de componentes de variância no método Bayesiano, principalmente para populações pequenas. Portanto, o método Bayesiano é indicado para populações de tamanho pequeno quando há disponibilidade de informações.

3.2.1- Modelos

a) - Análises de características simples que não consideram as classes de desvios-padrão fenotípicos.

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

$$y = X\beta + Z_a a + e, \text{ em que:}$$

- y é um vetor $n \times 1$, de n observações de produção de leite;
- X é uma matriz $n \times f$, de incidência de f níveis dos efeitos fixos;
- β é um vetor $f \times 1$, de efeitos fixos referentes às classes de rebanho-ano-época no parto e grupo genético dos animais;
- Z_a é uma matriz $n \times N$, de incidência dos valores genéticos;
- a é um vetor $N \times 1$, de valores genéticos dos animais ;
- e é um vetor de resíduos da mesma dimensão de 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 y , a , p e e podem ser descritas como

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

em que

$$G = A \sigma_a^2 \text{ e } R = I_n \sigma_e^2,$$

sendo:

- 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;
- I_N Matriz identidade, de ordem N ;
- 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 \mathbf{I} é uma matriz identidade e σ_e^2 é a variância residual, então a função de verossimilhança é dada por:

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

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

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

Para os valores genéticos, foram assumidas distribuições priori normal multivariada:

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

em que A é a matriz de parentesco e σ_a^2 a variância genética aditiva na população base, assumindo-se que a produção de leite é controlada por número infinito de locos não epistáticos, com efeitos de dominância desprezíveis e que a população base estava em equilíbrio Hardy-Weinberg e em equilíbrio de ligação”.

Distribuições qui-quadrado invertida foram assumidas para as variâncias genética aditiva (σ_a^2), ambiente permanente (σ_p^2) e ambiente temporário (σ_e^2):

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

em que ν_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:

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

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-se:

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

b) - Análise que considera a produção de leite cada classe de desvio-padrão fenotípico como características distintas

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:

Posteriormente, analisou-se a produção de leite em cada classe de desvio-padrão como uma característica distinta, levando-se em conta a distribuição conjunta das características, empregou o seguinte modelo:

$$y = X \beta + Z_a a + e$$

sendo,

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}, \quad X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}, \quad \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix}, \quad Z_a = \begin{bmatrix} Z_{a1} & 0 \\ 0 & Z_{a2} \end{bmatrix}, \quad a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix}, \quad e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Onde y_1 = produção de leite na primeira lactação e y_2 = Idade da vaca ao primeiro parto, onde:

y_i vetor $n_i \times 1$, de n_i observações da produção de leite na classe de desvio padrão i , $i=1$ e 2 ;

X_i matriz $n_i \times f$, de incidência de níveis dos efeitos fixos na classe de desvio-padrão i ;

β_i vetor $f \times 1$, de efeitos fixos na classe de desvio-padrão i ;

Z_{ai} matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos valores genéticos na classe de desvio-padrão i ;

a_i vetor $N_i \times 1$, de valores genéticos de cada animal na classe de desvio-padrão i ;

e_i vetor de resíduos na classe de desvio-padrão i , da mesma dimensão de y_i .

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

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

tem-se que $G = A \otimes G_0$ 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);

G_0 matriz $q \times q$, de variância e covariância genética aditiva entre as q características; e

\otimes operador produto direto (SEARLE, 1966).

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 \end{bmatrix},$$

em que σ_{a11}^2 variância genética aditiva da característica i, e σ_{a12} , covariância genética aditiva entre as características i e j; I_n é a matriz identidade, de ordem n e $R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & \sigma_{e1e2} \\ \sigma_{e2e1} & \sigma_{e22}^2 \end{bmatrix}$, onde σ_{eii}^2 é a (co)variância residual da característica i.

Densidade priori plana foi assumida para os elementos de β , por refletir a falta de conhecimento sobre os parâmetros de locação de efeitos “fixos”. Para os valores genéticos, foi assumida distribuições priori normal multivariada. 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:

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

Com T_0 sendo a matriz de parâmetro de escala de ordem $q \times q$, positiva definida, ν parâmetro de escala, associado ao grau de confiança e que possibilita o formato da distribuição dos componentes.

Foram utilizados 100 rounds no máximo, no processo de interações de Gauss-Seidel, para iniciar a cadeia, com critério de convergência para a variância do simplex de 10^{-9} . Foram estipulados tamanho de cadeia de 1.200.000 rounds, com período de aquecimento (Burn In) de 200.000 e frequência de amostragem de 250 rounds.

c)- Correlação entre os valores genéticos

Dos 151 reprodutores que possuíam proles com produção de leite avaliadas, 91 possuíam proles em ambas as 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, formaram-se arquivos que posteriormente foram quantificados a correlação de Spearman e correlação de Pearson.

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

4- RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias e desvios-padrão por classe de desvio padrão e em análise geral, para a produção de leite, são exibidos na Tabela 1. Verifica-se aumento da média com o aumento do desvio padrão, sendo que as estimativas de média e desvio-padrão na classe de maior desvio-padrão aproximaram-se mais das estimativas obtidas em análise geral. Resultado semelhante foi observado por Bueno et al. (2007), ao trabalharem com registros de lactações de vacas da raça Pardo-Suíço confirmando a associação entre média e desvio-padrão dentro de rebanho.

Entretanto, esses resultados são contrários aos obtidos por Weber et al. (2005) onde esses autores verificaram que o aumento da média não promoveu o aumento do desvio-padrão e, que as estimativas de média e desvio-padrão na classe de baixo desvio-padrão foi a que mais se aproximou das estimativas obtidas em análise geral.

Tabela 1 – Estimativas de médias, desvio-padrão, coeficiente de variação e número de observações para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral.

Parâmetros	Baixo	Alto	Geral
Média	4844,37	5802,02	5373,47
Desvio-padrão	1592,99	1929,96	1849,13
Coeficiente de Variação	32,88	33,26	34,41
Número de observações	1334	1647	2981
Número de rebanhos	32	30	62

Estimativas de componentes de variância para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral podem ser observadas na Tabela 2. Houve aumento das variâncias com o aumento do desvio-padrão na classe. Avaliando o intervalo de credibilidade para os componentes de (co) variância genética nos níveis de baixo e alto desvio-padrão,

verifica-se que as variâncias são heterogêneas. O mesmo comportamento é verificado para os componentes de variância residuais. Comparando os componentes de variâncias estimados nas classes de desvios-padrão com a estimativa obtida em análise geral, observa-se que a variância genética aditiva na análise geral diferiu daquelas obtidas nas classes de desvio-padrão, porém sendo mais próxima da estimativa observada na classe de baixo desvio-padrão. Por outro lado, o componente de variância residual na análise geral foi mais próximo do valor obtido na classe de alto desvio-padrão.

Segundo Hill et al. (1983), Torres et al. (1998) e Araújo et al. (2001) houve aumento nas estimativas dos componentes de variância e residual, à medida que o nível de produção do rebanho aumentava.

Bueno et al. (2007) observaram que as estimativas de componentes de variância genética aditiva e variância residual na análise geral foram mais próximas das obtidas na classe de alto desvio-padrão, resultado contrário ao obtido neste trabalho.

Tabela 2 – Médias posteriores e intervalo de credibilidade de componentes de variância genética aditiva e residual para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral.

	Média	Erro-padrão	Desvio-padrão	Intervalo de Credibilidade	
				Li	Ls
Classe de baixo desvio-padrão					
σ_{a1}^2	234845,78	607,54	57636,48	233654,86	236036,70
σ_{e1}^2	647170,70	520,54	49382,82	646150,33	648191,08
Classe de alto desvio-padrão					
σ_{a2}^2	389616,20	921,49	87420,97	387809,86	391422,55
σ_{e2}^2	1130026,40	789,66	74914,10	1128478,48	1131574,33
σ_{a1a2}	121505,07	613,98	58247,98	120301,51	122708,62
Análise Geral					
σ_a^2	275788,49	804,37	50872,96	274211,47	277365,51
σ_e^2	983253,66	715,17	45231,45	981851,53	984655,80

Na Figura 1 são exibidos os ciclos no processo de geração das cadeias para os componentes de variância genética aditivas e residuais nas classes de baixo e alto desvio-padrão. Verifica-se que os valores se mantiveram com o mesmo comportamento ao longo da cadeia, indicando que o tamanho da cadeia foi suficiente para gerar as médias posteriores. A correlação serial entre os valores gerados na formação da cadeia, sem o período de aquecimento foram iguais a 0,42 e 0,45 para as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico.

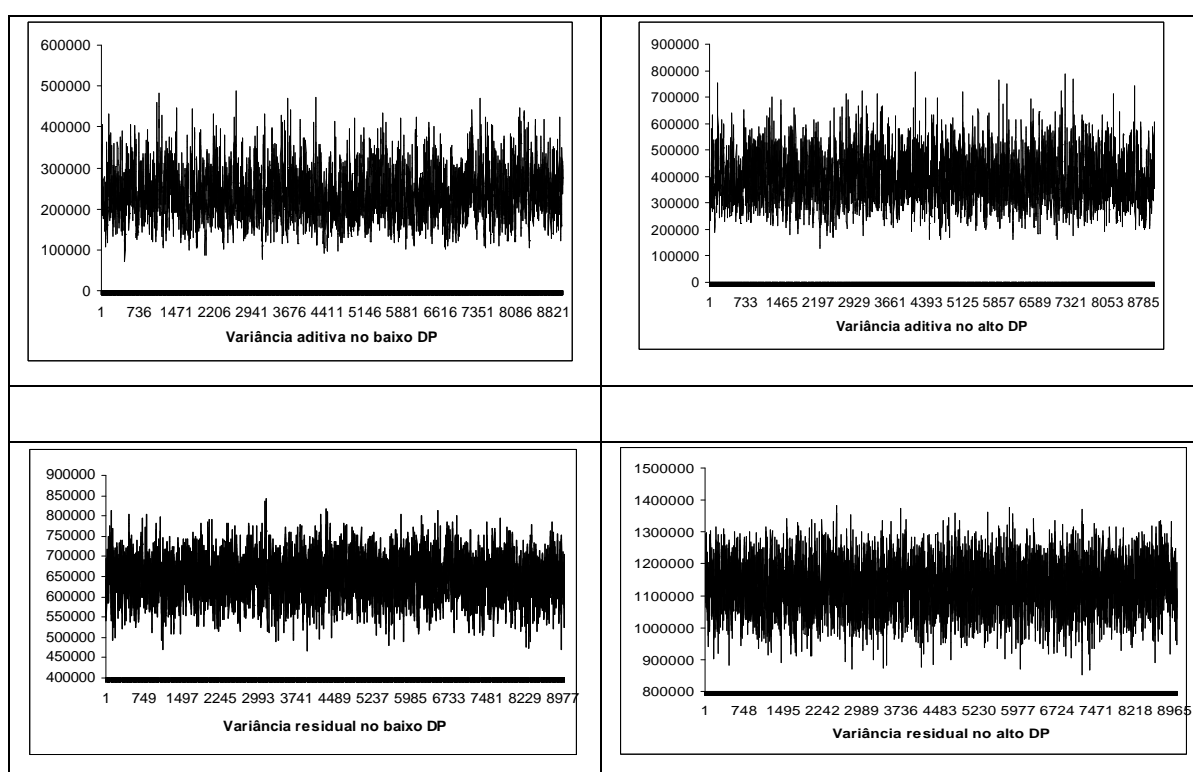


Figura 1 - Histograma de médias posteriores de componentes de variâncias para produção de leite (kg) para vacas da raça Pardo-Suíço do Brasil, nos extratos de baixo e alto desvio-padrão.

Apesar das maiores estimativas de variâncias observadas na classe de alto desvio-padrão fenotípico, as estimativas de herdabilidade foram próximas entre as classes e ligeiramente maiores em relação à estimativa obtida em análise geral (Tabela 3). Resultado esse, conseqüente de aumento proporcional das variâncias genética aditiva e residual na classe de alto desvio-padrão e, ainda, da maior proximidade da variância genética aditiva da análise geral com a classe de baixo desvio-padrão, reafirmando a presença de heterogeneidade de variâncias entre as classes de desvio-padrão.

Weber et al. (2005) encontraram coeficientes de herdabilidades 0,14 e 0,19 para as classes de baixo e alto desvio-padrão, respectivamente, valores inferiores aos encontrados neste trabalho, entretanto o coeficiente de herdabilidade encontrado por esses autores para análise geral (0,22) foi próximo ao deste trabalho.

Resultados semelhantes aos deste trabalho foram encontrados por Torres (1998), com o intuito de verificar o efeito da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de vacas da raça Holandesa no Brasil, dividiu os rebanhos em três classes de desvio-padrão fenotípico pela produção de leite, verificando aumento nas médias de produção e nos componentes de variâncias, com o aumento do desvio-padrão médio da classe. As estimativas de herdabilidade não mostraram o mesmo comportamento, sendo maior no nível médio de desvio-padrão (0,28), seguido do nível baixo (0,26) e o menor coeficiente foi encontrado no nível alto (0,25).

Bueno et al. (2007) encontraram valores superiores ao deste trabalho para estimativas de herdabilidades para as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, 0,34 e 0,37, respectivamente. Em virtude do aumento da variância genética aditiva em relação ao aumento da variância residual, da classe de baixo para a classe de alto desvio-padrão fenotípico.

Dong e Mao (1990) e Araújo (2001), ao estudarem registros de vacas da raça Holandesa, encontraram tendência de aumento nas herdabilidades com o aumento no nível de produção dos rebanhos. Segundo Hill et al. (1983), o incremento da estimativa de herdabilidade com a elevação do nível de produção ocorre porque as vacas podem expressar melhor o seu potencial genético em rebanhos com altos níveis de produção, devido ao melhor ambiente oferecido com o controle de enfermidades e a melhor alimentação.

Tabela 3 - Médias posteriores e intervalo de credibilidade das estimativas de herdabilidade para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral.

Classe de Desvio-padrão	Média	Erro-Padrão	Desvio-Padrão	Intervalo de Credibilidade	
				Limite Inferior	Limite Superior
Baixo	0,26	0,0006	0,0595	0,2640	0,2665
Alto	0,25	0,0005	0,0525	0,2545	0,2566
Geral	0,21	0,0005	0,0375	0,2174	0,2198

O baixo valor da correlação genética entre as produções nos níveis de alto e baixo desvio-padrão, 0,48; indica que os animais sejam classificados de forma diferente em cada classe de desvio-padrão, confirmando a presença de heterogeneidade de variâncias. Boldman; Freeman (1990), Torres et. al (2000), Costa (1999); Araújo (2001) encontraram resultados de

correlação genética maiores que 0,90, entre a mesma característica em classes de grupos de rebanhos diferentes.

As distribuições dos percentis e quartis das estimativas de herdabilidade nas classes de desvio-padrão podem ser observadas na Tabela 4. A amplitude das estimativas entre o percentil 0,10 e 0,90 em ambas as classes de desvio-padrão, foram bem similares, 0,15 e 0,14 para classes de baixo e alto desvio-padrão, respectivamente. Sendo tais amplitudes maiores do que a observada em análise geral (0,09), indicando que quanto maior a variabilidade presente na amostra, maior é a necessidade de mais números de ciclos na cadeia do amostrador de Gibbs.

A amostra constituinte do processo de geração das cadeias para as estimativas de herdabilidade na análise geral e nas classes de baixo e alto desvio-padrão (Figuras 2, 3 e 4, respectivamente) demonstram que houve simetria na formação da amostra.

Tabela 4 - Distribuição de percentis das estimativas de herdabilidade para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise geral.

Percentis	Quartis	Classes de Desvio-Padrão		Geral
		Baixo	Alto	
100	Máximo	0.48	0.47	0.36
99	-	0.41	0.38	0.31
95	-	0.36	0.34	0.28
90	-	0.34	0.32	0.26
75	Quartil 3	0.30	0.29	0.24
50	Mediana	0.26	0.25	0.21
25	Quartil 1	0.22	0.21	0.19
10	-	0.19	0.18	0.17
5	-	0.17	0.17	0.15
1	-	0.13	0.14	0.13
0	Mínimo	0.08	0.09	0.11

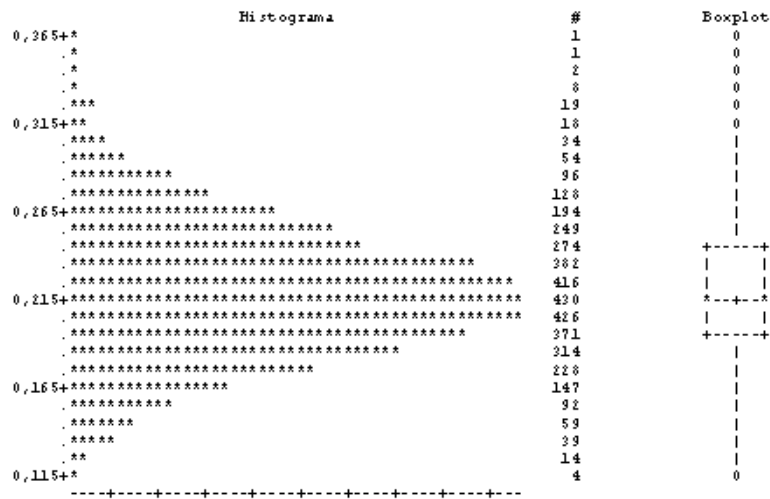


Figura 2 – Histograma e box-plot para as estimativas de herdabilidade para a produção de leite em análise geral.

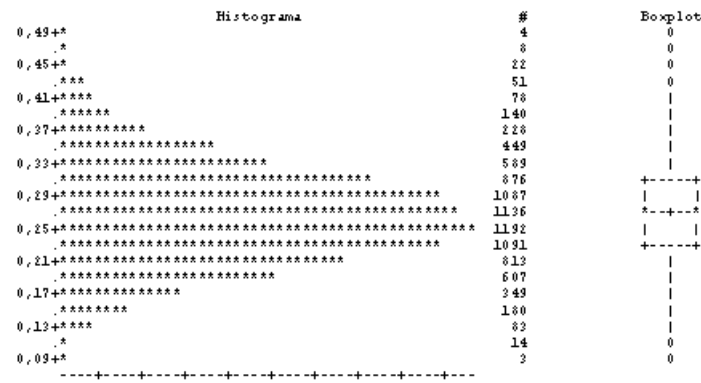


Figura 3 – Histograma e box-plot para as estimativas de herdabilidade para a produção de leite na classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

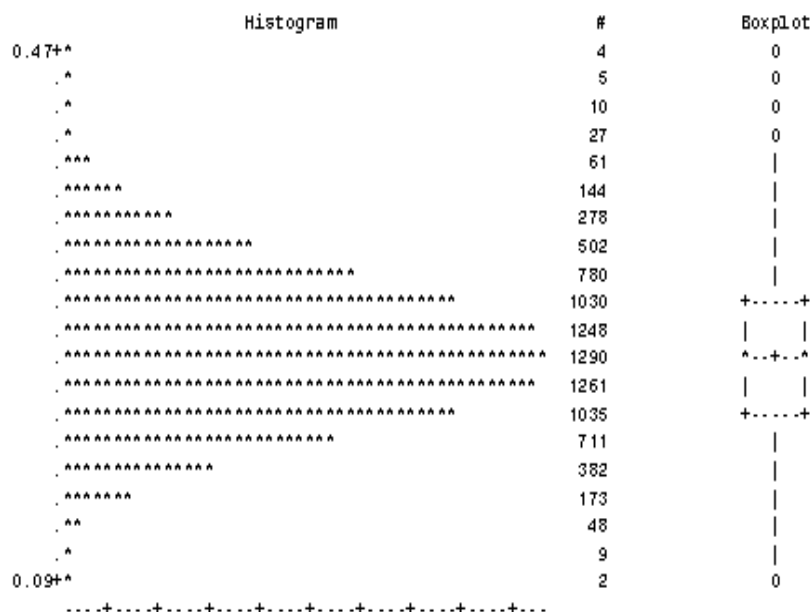


Figura 4 – Histograma e box-plot para as estimativas de herdabilidade para a produção de leite na classe de alto desvio-padrão fenotípico.

Com base nos valores estimados dos componentes de variâncias e covariâncias genéticas, foram calculadas as eficiências das respostas esperadas à seleção na classe de baixo desvio-padrão pela seleção na classe de alto desvio-padrão (seleção indireta), em relação à resposta direta na classe de baixo desvio-padrão, admitindo a mesma intensidade de seleção em ambos os níveis. Com base nesses resultados, a resposta da eficiência resultaria em 0,66. Verifica-se, portanto, que a transferência do material genético selecionado no nível de alto desvio-padrão conduz as menores respostas nos desempenhos dos reprodutores, quando submetidos aos rebanhos da classe de menor desvio-padrão, em relação à situação em que a seleção dos animais nessa mesma classe é praticada diretamente.

Valores Genéticos

Dos 151 reprodutores avaliados 92 continham informação de desempenho de proles em ambos os extratos. Médias posteriores de valores genéticos para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e, em análise geral, para todos os reprodutores com proles com produção e para a deca 1, deca 2 e deca 3, podem ser observados na Tabela 5. Menor amplitude de valores genéticos é observada na classe de baixo desvio-padrão, enquanto que

na classe de alto desvio-padrão, os valores genéticos apresentaram maior variabilidade, como resultado da maior variabilidade genética aditiva.

As correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos para a produção de leite obtidos na análise geral, com os valores obtidos em cada classe de desvio-padrão, foram todas maiores que 0,80, quando se considerou todos os reprodutores. Porém, refinando a amostra de reprodutores, quando se correlaciona os valores genéticos entre as classes de desvio-padrão e em análise geral, verifica-se que na deca 1 deca 2 e deca 3, as correlações diminuem em magnitude, sendo que os valores genéticos obtidos na classe de alto desvio-padrão se correlacionaram fortemente com os valores genéticos obtidos em análise geral. Por outro lado, quanto maior a intensidade de seleção, menor é a correlação entre os valores genéticos obtidos na classe de baixo desvio-padrão, com aqueles obtidos nas demais situações. Assim, rebanhos mais variáveis contribuem com maior participação na predição de valores genéticos, na situação onde se despreza a presença de heterogeneidade de variâncias. Sendo esta em função de variabilidade genética aditiva, a seleção ainda considera os melhores genótipos. Em uma situação onde a presença de heterogeneidade de variância fosse decorrente de fatores não genéticos, a seleção para os animais sem considerar a heterogeneidade de variâncias, seria em função do melhor ambiente e, não do melhor genótipo.

Tabela 5 – Médias e correlações de Spearman (acima da diagonal) e Pearson (abaixo da diagonal) entre valores genéticos preditos nas classes baixo e alto desvio-padrão e em análise geral.

Valor Genético	Média	Mínimo	Máximo	Correlações		
				VGG	VGB	VGA
N=151 (100%)				VGG	VGB	VGA
VGG	8,82	-683,04	1163,00	1,00	0,83	0,94
VGB	13,13	-708,82	723,279	0,84	1,00	0,68
VGA	8,63	-744,21	1216,00	0,93	0,69	1,00
N=15 (10%) – Deca 1						
VGG	626,02	434,33	1163,00	1,00	0,15	0,90
VGB	446,33	-14,61	723,279	0,10	1,00	-0,21
VGA	644,75	217,84	1216,00	0,91	-0,07	1,00
N=30 (20%) – Deca 2						
VGG	461,29	223,77	1163,00	1,00	0,51	0,93
VGB	332,11	-14,61	723,279	0,57	1,00	0,25
VGA	442,64	104,23	1216,00	0,84	0,25	1,00

N=45 (30%)– Deca 3

VGG	369,31	147,62	1163,00	1,00	0,64	0,93
VGB	257,77	-76,93	723,279	0,65	1,00	0,37
VGA	351,93	-70,69	1216,00	0,80	0,28	1,00

5- CONCLUSÃO

Verificou-se a presença da heterogeneidade de variâncias sobre a produção de leite na primeira lactação de fêmeas da raça Pardo Suíço. Existe maior variabilidade nos rebanhos presentes na classe de alto desvio-padrão e, o impacto dessa heterogeneidade de variância sobre a avaliação genética de reprodutores é pequeno, pois a fonte principal dessa heterogeneidade é decorrente de fatores genéticos, os reprodutores de maior valor genético para a produção de leite estão presentes na classe de alto desvio-padrão feno típico.

REFERÊNCIAS

ABCPS. Associação Brasileira de Criadores de Gado Pardo-Suíço. **A raça**. Disponível em: <http://www.pardo-suico.com.br/>. Acesso em: 21/07/2008.

ARAÚJO, C.V. et al. Interação Reprodutor x Rebanho na Produção de Leite da Raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.30, n.3, p.992-999, 2001 (Suplemento 1).

BITTENCOURT, T.C.B.S.C. **Interação Fazenda X Touro Sobre a Idade ao Primeiro Parto em Vacas da Raça Nelore**. Belo Horizonte: Escola de Veterinária da UFMG, 1993. 63p. Dissertação (Mestrado).

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

BROTHERSTONE, S.; HILL, W.G. Heterogeneity of variance amongst herds for milk production. **Animal Production**. v.42, p.297-303, 1986.

BUENO, R.S. et al. Ajustamento para heterogeneidade de variâncias para produção de leite e gordura entre rebanhos da raça Pardo-Suíço no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.59, n.2, p.481-487, 2007.

CANAVESI, F. et al. Sire-by-herd interaction effect when variances across herds are heterogeneous. II Within-herd variance component estimates. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.112, p.107-116, 1995.

CARDOSO, A.M.C. **Interação Genótipo x Ambiente para Produção de Leite na espécie Bubalina utilizando inferência Bayesiana por meio de amostradores de Gibbs**. 2005. 63p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal). Universidade Federal do Pará, 2005.

CARNEIRO JÚNIOR, J.M. et al. Estimação de componentes de variância utilizando-se inferência Bayesiana e frequentista em dados simulados sob heterogeneidade de variâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.36, n.5, p.1539-1548, 2007.

CARNEIRO, A.P.S. et al. Erros na Classificação de Touros, Vacas e Touros Jovens Geneticamente Superiores Avaliados na Presença de Heterogeneidade. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.35, n.5, p.1907-1914, 2006.

CERÓN-MUÑOZ, M.F. et al. Interação Genótipo-Ambiente em Bovinos da Raça Holandesa Brasileiros e Colombianos. **Archivos de Zootecnia**. v.53, p.239-248, 2004.

COSTA, C.N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in Brazilian herd environments. **Genetics and Molecular Biology**, v.22, n.3, 1999.

COSTA, C.N. et al. Heterogeneidade de (Co) variância para as Produções de Leite e de Gordura entre Vacas Puras e Mestiças da Raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.33, n.3, p.555-563, 2004.

COSTA, C.N. Interação genótipo e ambiente em gado de leite. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1999, Viçosa – MG. **Anais...Genética e Melhoramento animal**, 1999.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa, Brasil: Universidade Federal de Viçosa, UFV. 1997. 390 p. Ilus.

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

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

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

EVERETT, R.W.; KEOWN, J.F.; TAYLOR, J.F. The problem of heterogeneous within herd error variances when identifying elite cows. **Journal of Dairy Science**. v.65, p.100, 1982.

FALCÃO, A.J.S. et al. Heterocedasticidade entre Estados para Produção de Leite de Vacas da Raça Holandesa, usando métodos Bayesianos via Amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.35, n.2, p.405-414, 2006.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 2.ed. New York: Longman. 340p. 1989.

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

FAMULA, T.R., VAN VLECK, L.D. Sire evaluation by only extended partial milk and fat records. **Journal of Dairy Science**. v.64, n.3, p.484-490, 1981.

FERREIRA, V.C.P. et al. Interação genótipo-ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.3, p.385-392, 2001.

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

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

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

HILL, W.G. et al. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. **Animal Production**, v.36, p.59-68, 1983.

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: Escola de Veterinária da UFMG, 1996. 204p. (Tese, Doutorado).

JÚNIOR PEREIRA, W.A. Núcleo de Estudos em Pecuária de Corte. Boletim Pecuário. Disponível em: <http://www.nucleoestudo.ufla.br/nepec/pardosuico.htm>. Acesso em: 22/07/2008.

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

MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002.

MEINERT, T.R. et al. Estimates of genetic trend in an artificial insemination progeny test program and their association with herd characteristics. **Journal of Dairy Science**, v. 75, p. 2254-2264, 1992.

MEINERT, T.R. et al. Prediction of daughter's performance from dam's cow index adjusted for within-herd variance. **Journal of Dairy Science**. v.71, p.2220-2231, 1988.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters and breeding values for New Zealand and Australian Angus cattle. Aust. **Journal of Agricultural Research.**, v.46, p.1219-1229, 1995.

MIRANDE, S.L., VAN VLECK, L.D. Trends in genetic and phenotypic variances for milk production. **Journal of Dairy Science**, v. 68, n. 9, p. 2278-2286, 1985.

NOTTER, D.R., TIER, B., MEYER, K. Sire x herd interaction for weaning weight in beef cattle. **Journal Animal Science**, v.70, p.2359-2365, 1992.

PACKER, I.U. Interação genótipo-ambiente em animais. In: SEMINÁRIO DE BIOTECNOLOGIA AGRÍCOLA, 3, 1985, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, p.201-221, 1985.

POWELL, R.L.; NORMAN, H.D.; WEILAND, B.T. Cow evaluation at different milk yield of herds. **Journal of Dairy Science**, v.66, n.1, p.148-154, 1983.

RENNÓ, F.P. et al. Aspectos Produtivos da Raça Pardo-Suíço no Brasil. Fatores de Ajustamento, Produção de Leite e de Gordura, e Parâmetros Genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.5, p.2043-2054, 2002.

ROBERTSON, A., O'CONNOR, L.K., EDWARDS, J. Progeny testing dairy bulls at different management levels. **Animal Production**, v.2, n.2, p.141-152, 1960.

SEARLE, S. R. **Linear models**. New York: John Wiley & Sons. p.532, 1966.

STANTON, T.L. et al. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, México and Porto Rico. **Journal of Dairy Science**, 74(5): 1700-1714, 1991.

STATISCAL ANALYSIS SYSTEM. **Procedures guide**: version 6. 3th ed. Cary, NC, SAS Institute, p. 705, 1990. 705p.

TEIXEIRA, N.M.; FREITAS, A.F.; VALENTE, J. Correlação de meio-ambiente entre meio-irmãs paternas para a produção de leite na raça Holandesa. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.21, n.3, p.501-509, 1992.

TORRES, R A. et al. Heterogeneidade de Variância e Avaliação Genética de Bovinos da Raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**. vol.29, n..4, p.1050-1059, 2000.

TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil**. Belo Horizonte: UFMG, 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.

VALENCIA, E.T. et al. 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: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1998. p.488-490.**

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

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

VINSON, W.E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. **Journal of Dairy Science**. v.70, p.2450-2455, 1987.

WARWICK, E.J.; LEGATES, J. **Cría y mejora del ganado**. 3 ed. México: McGraw-Hill, p.623, 1980.

WEBER, T. et al. Coeficientes de Herdabilidade e Correlações Genéticas para as Produções de Leite e de Gordura, em Diferentes Níveis de Produção, para Raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.34, n.2, p.514-519, 2005.

WINKELMAN, A.; SCHAEFFER, L.R. Heterogeneity of variances among herds and its effects on dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**. v. 71, p. 84, 1988.