

ANTONIA KÉCYA FRANÇA MOITA

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NA AVALIAÇÃO
GENÉTICA DE BÚFALOS**

Tese apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento, para
obtenção do título de *Doctor
Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2007

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

ANTONIA KÉCYA FRANÇA MOITA

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NA AVALIAÇÃO
GENÉTICA DE BÚFALOS**

Tese apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento, para
obtenção do título de *Doctor
Scientiae*.

APROVADA: 22 de março de 2007.

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Co-orientador)

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Co-orientador)

Prof. Humberto Tonhati

Dr. Ary Ferreira de Freitas

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

“Um homem com um ideal tem um barco no coração e uma bússola na cabeça. Por isso, não há tempestade que afunde ou lhe tire do rumo.”

Autor desconhecido.

Este trabalho é dedicado a todos aqueles que me incentivaram a alçar vôos mais altos.

À minha família;

Meus pais, Antônio e Hilbrantina

Minhas irmãs, Natercya e Thamylles

Meus Avós (*in memoriam*) Acbal, Evany, Marieta e Aquileu.

Todo meu amor e gratidão por terem sempre me compreendido.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, em particular aos professores dos Departamentos de Zootecnia, Biologia Geral e de Informática que participaram do Programa de Doutorado em Genética e Melhoramento Animal, pelos ensinamentos.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - (CNPq), pelo fornecimento da bolsa de estudo durante o período do Curso.

Aos criadores de Búfalos, pela perseverança na dedicação ao melhoramento da espécie.

À Associação Brasileira de Criadores de Búfalos.

A todas as pessoas que tive a grande sorte de conviver durante a minha vida e em especial às destes últimos quatro anos. Gostaria, no entanto, de fazer um agradecimento especial às seguintes:

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela orientação, pela compreensão e pelos ensinamentos transmitidos.

Aos professores da UFV, Robledo de Almeida Torres, Ricardo Frederico Euclides, Carmem Silva e Adair José Regazzi, pelo aprendizado que me propuseram.

Aos colegas da área de Melhoramento Animal da UFV, em especial aos amigos Aldrin Vieira, Alex, Band, Dani Faria, Dani Serra, Débora, Elizângela, Fernanda, Fred, Gisele, Gustavo, Katiene, Jane, Joãozinho, José Pereira, Júnior, Lindenberg, Luciara, Peloso, Rachel, Ricardinho, Rodolphinho, Urbano, Vicente, pela amizade.

Aos colegas da área de Melhoramento da UFV, em especial João, Poliana, Juliana, Tatiana, dentre outros. Agradeço pelos momentos riquíssimos de convivência.

Aos Drs. Marcelo Freitas e Gabrimar Martins pela paciência, incentivo e ajuda imprescindível na condução da análise de dados.

Ao professor Humberto Tonhati pela confiança e auxílio com a liberação dos dados de Búfalos.

Ao meu namorado Leonardo que tanto me incentivou e ajudou nos momentos mais difíceis.

Aos meus amigos, principalmente os encontrados aqui, pois sem eles este trabalho teria sido infinitamente mais difícil.

Aos meus colegas e amigos de república.

Aos amigos do Nordeste, pelo bom humor e o encorajamento na hora de enfrentar as dificuldades.

Aos funcionários e alunos do Departamento de Zootecnia e a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

ANTONIA KÉCYA FRANÇA MOITA, filha de Antônio Otávio Moita e Hilbrantina França Albuquerque Moita, nasceu no dia 14 de maio de 1979, em Tianguá, no Estado do Ceará.

Em março de 1996 ingressou na Universidade Estadual Vale do Acaraú – UVA, Sobral, Ceará, onde se graduou em Zootecnia em janeiro de 2001.

Em março do mesmo ano ingressou no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia com área de concentração em Genética e Melhoramento Animal, em nível de Mestrado, pela Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Campus de Jaboticabal (FCAV-UNESP), concluindo-o em fevereiro de 2003.

Em março de 2003, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, em nível de Doutorado, na Universidade Federal de Viçosa, realizando seus estudos na área de Melhoramento Animal.

SUMÁRIO

	LISTA DE TABELAS	viii
	RESUMO	x
	ABSTRACT	xii
	1 INTRODUÇÃO .GERAL.....	1
	2 REVISÃO DE LITERATURA	2
	3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	10
CAPÍTULO 1	INTERAÇÕES REPRODUTOR X REBANHO E REPRODUTOR X REBANHO-ANO NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BÚFALAS	13
	RESUMO	14
	ABSTRACT	15
	1 INTRODUÇÃO	16
	2 MATERIAL E MÉTODOS	17
	3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
	4 CONCLUSÕES	28
	5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29
CAPÍTULO 2	HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BÚFALAS NO BRASIL	31
	RESUMO	32
	ABSTRACT	33
	1 INTRODUÇÃO	34
	2 MATERIAL E MÉTODOS.	36
	3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
	4 CONCLUSÕES	47
	5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1	Frequência do número de animais por lactação.....	18
Tabela 2	Valores de -2 vezes o logaritmo natural da função de verossimilhança ($-2 \log_e L$) e do teste da razão de verossimilhança (LR_{ij}), para modelos seqüencialmente reduzidos, obtidos para produção de leite em búfalas, em análises de características simples.....	21
Tabela 3	Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente ($\sigma_{c_1}^2$), da interação reprodutor x rebanho ($\sigma_{c_2}^2$), da interação reprodutor x rebanho-ano ($\sigma_{c_3}^2$) e residual (σ_e^2) para produção de leite em búfalas, em análise de característica simples.....	21
Tabela 4	Estimativas de herdabilidade (h^2) e proporções da variância fenotípica em relação aos efeitos de ambiente permanente (C^1), efeito da interação reprodutor x rebanho (C^2), efeito da interação reprodutor x rebanho-ano (C^3) e proporção ambiental da variância total (e), para produção de leite em búfalas, em análise de característica simples	23
Tabela 5	Média dos valores genéticos preditos para todos os animais, desvios-padrão, valores máximos, valores mínimos e amplitudes produção de leite em búfalas, em análise de característica simples.....	25
Tabela 6	Coefficiente de correlação de Pearson, acima da diagonal, e de Spearman, abaixo da diagonal, entre os valores genéticos preditos para produção de leite, em análise de característica simples	25
Tabela 7	Valores genéticos preditos dos vinte melhores animais nos diferentes modelos 1, 2, 3, 4, 5 e 6.....	27

CAPÍTULO 2

Tabela 1	Rebanhos, médias, desvios-padrão, número de dados e classe de desvios-padrão nos rebanhos de búfalos da raça Murrah	39
Tabela 2	Valores de -2 vezes o logaritmo natural da função de verossimilhança ($-2 \log_e L$) e do teste da razão de verossimilhança (LR_{ij}), para modelos seqüencialmente reduzidos, obtidos para produção de leite em búfalas, em análises das classes de desvio-padrão fenotípico	40
Tabela 3	Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente ($\sigma_{c_1}^2$), da interação reprodutor x rebanho-ano ($\sigma_{c_3}^2$) e residual (σ_e^2) para produção de leite em búfalas, nas classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo	41
Tabela 4	Estimativas de herdabilidade (h^2), de repetibilidade (r) e	

	das proporções da variância fenotípica atribuída aos efeitos de ambiente permanente (C^1), efeito da interação reprodutor x rebanho-ano (C^3) e ao efeito residual (e) para produção de leite em búfalas, nas classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo	42
Tabela 5	Médias dos valores genéticos preditos para os animais, desvios-padrão, valores máximos, valores mínimos e amplitudes, para produção de leite em búfalas, nas classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo	43
Tabela 6	Coeficiente de correlação de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos preditos para produção de leite, em análise de característica simples (modelo geral) e nas classes de desvio-padrão fenotípico	43
Tabela 7	Valores genéticos dos vinte melhores animais nos modelos M1, M2 e M3	45
Tabela 8	Tabela 8. Valores genéticos dos vinte melhores animais em análise de característica simples (modelo geral) e nas classes de desvio-padrão fenotípico	46

RESUMO

MOITA, Antonia Kécya França, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2007. **Interação genótipo x ambiente na avaliação genética de búfalos**. Orientador: Paulo Sávio Lopes, Co-Orientadores: Robledo de Almeida Torres e Ricardo Frederico Euclides.

Registros de produção de leite, de 754 búfalas da raça Murrah, foram utilizados com o objetivo de avaliar o efeito da inclusão da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano nos modelos de avaliação genética, verificar a existência da heterogeneidade de variância entre rebanhos e verificar os efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano como fatores de ajustamento para variâncias heterogêneas. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se seis modelos de características simples, considerando como efeitos fixos estação de parto e rebanho-ano de parto e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático). Os seis modelos utilizados foram: 1 – modelo aditivo, 2 – modelo de repetibilidade; 3 – modelo aditivo com interação reprodutor x rebanho, 4 – modelo aditivo com interação reprodutor x rebanho-ano; 5 – modelo de repetibilidade com interação reprodutor x rebanho e 6 – modelo de repetibilidade com interação reprodutor x rebanho-ano. A média obtida para produção de leite foi de 1736,66 Kg. Com exceção da inclusão da interação reprodutor x rebanho, as inclusões do efeito de ambiente permanente, ou da interação reprodutor x rebanho-ano no modelo aditivo foram significativas ($P < 0,06$) e ($P < 0,05$) respectivamente. No modelo de repetibilidade somente a inclusão da interação reprodutor rebanho-ano foi significativa ($P < 0,05$). A não inclusão do efeito de ambiente permanente ao modelo aditivo inflacionou as estimativas da variância genética aditiva e da herdabilidade para a produção de leite. A inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho-ano é mais importante do que o efeito da interação reprodutor x rebanho nos modelos de avaliação genética de bubalinos para produção de leite. Os modelos 1, 2, 4 e 6 foram utilizados em análise bi-característica, em que os rebanhos foram classificados em duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite, considerando-se cada classe de desvio-padrão como característica diferente. Foi conduzida,

também, uma análise unicaracterística, em que foram desconsideradas as classes de desvio-padrão fenotípico, incluindo o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano. Nos quatro modelos bi-característica as estimativas de componentes de variância genética aditiva foram maiores na classe de alto desvio-padrão, comparadas às de baixo desvio-padrão. Observou-se que a maioria dos animais selecionados sem estratificação foi selecionada dos rebanhos de alto desvio-padrão. Apesar do aumento nas variâncias aditivas e do erro nas classes de alto desvio-padrão, suas herdabilidades foram menores, com exceção do modelo 2 que apresentou herdabilidade maior para a classe de alto desvio-padrão. A estratificação dos rebanhos de búfalos para produção de leite em classes de alto e baixo desvio-padrão fenotípico corrigiu para a heterogeneidade de variância.

ABSTRACT

MOITA, Antonia Kécya França, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March of 2007. **Genotype x environment interaction on genetic evaluation of buffaloes.** Adviser: Paulo Sávio Lopes, Co-Advisers: Robledo de Almeida Torres and Ricardo Frederico Euclides.

Milk yield records of 754 Murrah buffaloes were used to evaluate the effect of sire x herd and sire x herd-year interactions and to verify the effects of heterogeneity of variance among herds on genetic evaluation. The (co)variance components were estimated by restricted maximum likelihood method using six models in single trait analyses, considering season and herd-year of birth as fixed effects and cow age as covariate (linear and quadratic effects). The following models were used: 1 – additive; 2 – repeatability; 3 – additive with sire x herd interaction; 4 – additive with sire x herd-year interaction; 5 – repeatability with sire x herd interaction; and 6 – repeatability with sire x herd-year interaction. An average of 1736.66 Kg of milk production was obtained. There were significant effects of the inclusion of permanent environment or sire x herd-year interaction on the additive model ($P < 0.06$ and $P < 0.05$, respectively), and sire x herd-year interaction on the repeatability model ($P < 0.05$). The non-inclusion of permanent environment effect on the additive model inflated the estimates of additive genetic variance and heritability for milk yield. The sire x herd-year interaction showed more important than sire x herd interaction on genetic evaluation of buffaloes for milk yield. The models 1, 2, 4 and 6 were used in two-trait analysis, considering two classes of phenotypic standard deviation for milk production as different traits. A single trait analysis was also accomplished, without phenotypic standard deviation classes, including sire x herd-year interaction (model 6). In two-trait analyses, higher estimates of additive genetic variance components were obtained in high than in low standard deviation class. In the model 6 (without classes) the most part of animals selected for milk yield were from high standard deviation herds. Despite the increase of additive and residual variances in the high standard deviation class, their heritability estimates were lower, except for model 2 that showed high estimate in high standard deviation class. The stratification of herds in

high and low phenotypic standard deviation for milk yield correct for the heterogeneity of variance.

INTRODUÇÃO GERAL

A introdução do búfalo no Brasil foi no final do século XVIII pela região Norte do País, a partir da Ilha do Marajó, com animais das raças do Sudeste Asiático e da Itália (Carabao e Mediterrâneo). As raças indianas (Jafarabadi e Murrah) foram introduzidas na região de Uberaba-MG e no Vale do Rio Grande-SP, por iniciativa dos importadores de Gado Zebu. Os búfalos também se expandiram pelo Nordeste, Sul, Centro-Oeste, Vale do Ribeira-São Paulo (PROMEBUL, 2006).

O melhoramento genético dos bubalinos no Brasil (PROMEBUL, 2006; Ramos, 2006) tem contribuído para identificação dos melhores reprodutores para as características economicamente exploradas e para estudos sobre manejo nutricional e reprodutivo de bubalinos. A base de dados é constituída por mais de 10 mil lactações, oriundas de mais de quatro mil fêmeas controladas e pertencentes a quinze rebanhos dos estados: Paraná, São Paulo, Bahia, Ceará, Pará e Mato Grosso do Sul.

As regiões e os rebanhos onde são criados os búfalos no país são distintos, assim como o manejo, a alimentação e o controle de doenças. Além dessas diferenças, os procedimentos de avaliação genética têm assumido variâncias genéticas e residuais homogêneas entre rebanhos. Caso as variâncias aumentem com o incremento na média de produção e sejam consideradas homogêneas na avaliação genética, os animais podem ser classificados para a seleção de forma errônea.

Neste contexto, é necessário verificar a existência da interação genótipo x ambiente e da heterogeneidade de variância entre rebanhos na avaliação genética dos animais. Assim, os objetivos do presente estudo foram: avaliar o efeito da inclusão da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano nos modelos de avaliação genética; verificar a existência de heterogeneidade de variância entre rebanhos; e verificar os efeitos da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano como fatores de ajustamento para variâncias heterogêneas.

REVISÃO DE LITERATURA

Os rebanhos leiteiros de búfalos do Estado de São Paulo apresentaram incrementos de, aproximadamente, 2.200 kg de leite entre os períodos de 1964-68 e 1974-78, associados a uma diminuição na duração da lactação de, aproximadamente, 20 dias e aumento no teor de gordura (Villares et al., 1979).

A maior produção diária de leite de búfala foi registrada no mês de abril, e a menor no mês de janeiro (Macedo et al., 2001). A estacionalidade reprodutiva da búfala é condicionada pela diminuição da luminosidade diurna (Nascimento & Carvalho, 1978, Mosse, 1979). Foi observado que a maior frequência dos partos ocorre no período de fevereiro a abril.

A quase totalidade dos criatórios de búfalos no Brasil adota regime de criação extensivo, caracterizado pela falta de controle zootécnico, sanitário e nutricional (Tonhati, 1997). Estes animais estão distribuídos pelas cinco regiões do país, conseqüentemente a resposta à seleção é distinta, tendo em vista as condições climáticas e os objetivos dos criadores.

De acordo com Stanton et al. (1991), há 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.

A interação genótipo x ambiente é de interesse para o melhoramento genético animal. Alguns pesquisadores são a favor da seleção em ambiente superior para que o animal possa mostrar todo o seu potencial, conforme recomendações de Hammond (1947), enquanto a maioria considera que a seleção dos futuros reprodutores deva ser feita em condições ambientais

semelhantes às que suas progênes serão submetidas, conforme Lush (1964).

As diferenças entre rebanhos na variabilidade de produção, geralmente são resultados de diferenças em fatores climáticos, regionais ou locais, e de tipos de manejo, incluindo fatores como intensidade de alimentação, 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 entre rebanhos, ou mesmo a variabilidade entre os níveis de estratificação adotada nos dados, especialmente em gado de leite, tem sido desconsiderada, causando à concentração de animais, selecionados nestes rebanhos, com expressão de maior variabilidade fenotípica (Hill et al., 1983).

Dentre as propostas alternativas para solucionar o problema de variâncias heterogêneas, o agrupamento dos dados, com base em algum critério e posteriores análises de características múltiplas, como fizeram Hill et al. (1983), tem por princípio a proposta, apresentada por Falconer (1952), de se considerar a expressão de um genótipo, em diferentes ambientes, como característica distinta. 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 pouca 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.

Van Vleck (1986) observou que a fração de animais selecionados de um ambiente determina a intensidade de seleção fator para resposta direta e correlacionada nesse e no outro ambiente. Uma alta herdabilidade leva a uma avaliação mais acurada que a baixa herdabilidade com o mesmo número de filhas ou acurácia igual com poucas filhas. Os efeitos de diferentes desvios-padrão residuais quando a herdabilidade é a mesma em

ambientes diferentes também pode ser calculado. De acordo com o autor, a correlação genética entre expressões de um genótipo em diferentes ambientes também tem que ser considerada se a correlação for muito diferente da unidade.

As pesquisas têm revelado que, na seleção dos melhores animais num ambiente de alta qualidade de manejo, há tendência de selecionar genótipos com elevado valor de resposta. Em contraste, na seleção dos melhores indivíduos em um 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 baixa qualidade e, positivamente, às médias nos ambientes de alta qualidade. Nos ambientes de qualidade intermediária, há tendência definida de associação entre a média fenotípica e a resposta dos animais (Reis & Lôbo, 1991).

De acordo com Winkelman & Shaeffer (1988), quando a heterogeneidade é causada por fatores ambientais, a avaliação genética do animal deve ser maior devido ao seu ambiente do que a sua composição genética. Dentre os fatores ambientais que causam heterogeneidade das variâncias, no rebanho-período, encontra-se região, ano de nascimento e manejo (Ibáñez et al., 1996).

Garrick & Van Vleck (1987) expuseram que as conseqüências da homogeneidade assumida incorretamente para avaliação são demonstradas pelo teste de progênie e um programa de acasalamento artificial que testam vacas e touros de populações heterogêneas. A seleção assumindo homogeneidade pode ser muito eficiente quanto a herdabilidade e então a acurácia da seleção, é maior no ambiente mais viável. Reciprocamente, há redução apreciável nos resultados quando a herdabilidade é maior nos ambientes menos variáveis. Eles observaram em seus resultados de teste de progênie, que o efeito de componentes de variância incorretos nas equações de modelo mistos é maior quando o ambiente mais variável tiver a herdabilidade mais baixa. Quando aumenta a herdabilidade com a variância residual, há pequena perda na eficiência de seleção assumindo a homogeneidade. Além disso, há um efeito desprezível de assumir correlação

genética igual a um entre desempenho em diferentes ambientes quando na realidade pequena interação estiver presente. Também consideram que vale a pena investigar a redução na eficiência da seleção assumindo a heterogeneidade para aplicações de cruzamentos individuais. O estudo com touros mostrou também que a amostragem de touros está representada na variedade de ambientes de rebanho diferentes.

A precisão na estimação dos parâmetros genéticos depende de influências de grande conjunto de fatores. Freitas (2000) atribuiu maior destaque ao método de estimação utilizado, mas também afirmou que a heterogeneidade de variâncias é um problema que, se não for tratado devidamente, poderá implicar na predição viesada do valor genético. Segundo esse autor, a qualidade dos dados coletados no campo contribui também para diminuir a precisão das avaliações genéticas. Esse problema é mais sério em pequenos conjuntos de dados, pois, nesse caso, a estimação de alguns componentes de variâncias e covariâncias fica totalmente comprometida. Num programa de avaliação genética, a relevância econômica das características a serem avaliadas é tão importante quanto a qualidade das soluções obtidas.

Mohammad et al. (1981) observaram que os componentes de variância da interação reprodutor-rebanho foram responsáveis por 10% da variância fenotípica na produção de leite e estes apresentaram efeito negativo. Canavesi et al. (1995) e Araújo (2000), verificaram que o uso da interação reprodutor-rebanho não se mostrou efetivo como forma de ajustar a heterogeneidade de variâncias.

Mayer (1987) observou que os componentes de variância devido ao efeito da interação touro-ambiente, sobre o efeito de ambiente, têm sido encontrados com valores tão altos quanto às variâncias entre touros para produção de leite, gordura e proteína. Uma variedade de fatores pode ter contribuído para maior similaridade entre as filhas de um mesmo touro em diferentes rebanhos ou identificados em subclasses rebanho-ano-estação. Um deles é uma diferença na variabilidade entre rebanhos, que pode ser reduzida pela transformação dos dados.

O aumento do número de filhas por reprodutor utilizando inseminação artificial, inclui vários rebanho-ano-estação e vários acasalamentos estáveis,

também poderia reduzir a influência da interação junto aos erros causados e por outros fatores e desta forma ser utilizado na seleção de touros (Kelleher et al., 1966).

Winkelman & Schaeffer (1988), com o objetivo de estimar componentes de variâncias de reprodutor e residual para rebanhos canadenses, observaram 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 as variâncias genéticas e residuais e as covariâncias fossem conhecidas em cada rebanho ou no 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 (Van Vleck, 1987).

De acordo com Famula (1989) as estimativas da variância residual não foram afetadas pela divisão do arquivo em grupos de produção. Contudo, a variância de touro pode ser bastante influenciada pela estratificação da produção. As estimativas da herdabilidade são afetadas ligeiramente. Todavia, o cálculo da variância genética pela produção de grupos de rebanhos deve ser feito com cuidado. O autor conclui que a melhor detecção da heterogeneidade de variância ocorre quando esta, é utilizada em um rebanho base ou com alguma estratégia livre de seleção.

A estratificação constitui-se no método mais comum para detectar heterogeneidade de variâncias entre os rebanhos, embora se introduza a possibilidade de erro nas estimativas das variâncias genéticas e residuais, pois é um processo análogo à seleção. 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).

Estratificando os registros pela variância intrarebanho-ano demonstrou ser a forma mais efetiva de estimar os componentes de variância e herdabilidade (Dong & Mao, 1990). Quando as informações

foram divididas pelos níveis de produção, os componentes de variância residual de touro em alta produção foram menos que duas vezes maior que os de baixa produção (Dong & Mao, 1990).

Dong & Mao (1990) encontraram que a diferença entre alta e baixa produção aumentou aproximadamente 200 kg quando os registros foram estratificados pela média do rebanho-ano ao invés da média do rebanho e aumentou 100 Kg quando os registros foram estratificados pelo desvio-padrão intrarebanho-ano em vez do desvio-padrão intra-rebanho. Os autores também observaram que ao contrário das variâncias de touros, o aumento do percentual da variância residual no grupo de baixa a média produção foram iguais ou maiores do que o aumento do percentual no grupo de média a alta produção em todos os casos. Entretanto, a taxa de aumento da variância residual de baixa a alta não foi tão grande quanto a observada na variância de touro.

A estratificação em uma característica correlacionada também afeta a estimação da variância (Famula, 1989). Também, se um arquivo esteve estratificado pela produção do rebanho, todo o arquivo foi sujeito a seleção.

Van der Werf et al. (1994) observaram que a correção para heterogeneidade de variância dentro de rebanho não removeu todos os vieses das médias dos pais, mas, a melhora do viés e da acurácia do valor genético pode ser esperado. Também observaram aumento do desvio-padrão fenotípico da produção de leite nos rebanhos com o passar dos anos, provavelmente devido ao aumento da produção. Eles encontraram que o coeficiente de variação dentro de rebanho-ano foi de 31%, indicando que o método de avaliação genética poderia ser melhorado com correções para heterogeneidade de variâncias. Métodos de correção de heterogeneidade provavelmente corrigiriam todos os vieses em EBV (*Expected breeding value*), especificamente se estes vieses foram devido ao tratamento preferencial.

Em um estudo avaliando heterogeneidade de variâncias, Balieiro et al. (2004) encontraram que os componentes de variância genética foram maiores, nos dados estratificados, do que nos obtidos em análises de característica única, e os componentes de variância residual foram menores, resultando em estimativas de herdabilidade maiores, para as análises de

características múltiplas. Tais análises conjuntas permitiram maiores resgates de porções das variâncias genéticas aditivas, que seriam direcionadas ao componente residual em análise de característica única.

Normalmente, a heterogeneidade de variância genética aditiva ou residual dentro de rebanho se deve aos acasalamentos e aos tratamentos preferenciais dados a determinados reprodutores (Norman, 1974). Uma alternativa para limitar o efeito do tratamento preferencial entre rebanhos, a inclusão da interação reprodutor-rebanho no modelo estatístico, na forma de correlação ambiental. No entanto, lembra que a heterogeneidade de variância pode ser responsável por parte do componente de variância atribuído à interação (Norman, 1974).

Se a heterogeneidade de variâncias for ignorada quando existir, a produção de filhas de determinado reprodutor será ponderada na proporção dos desvios-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 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. A 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, 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 aumenta 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 resultando em seleção de ambientes com baixa herdabilidade, pois os mesmos são mais variáveis. Quando a herdabilidade aumentou com o aumento da variabilidade, a redução foi de somente 0,1%.

Heterogeneidade de variâncias entre rebanhos 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).

De acordo com Visscher et al. (1991) o ajustamento inicial para variância dentro de rebanho ou a variância fenotípica rebanho-ano-estação foi mais efetivo em reduzir a heterogeneidade de variância, e parece ser o modo mais prático com heterogeneidade de variância para avaliação genética por modelo animal.

O efeito da heterogeneidade, se existir, na avaliação genética deveria ser melhor determinado examinando a posição dos animais e a magnitude da relativa diferença nos valores genéticos nos níveis de variâncias diferentes nos rebanhos (Dong & Mao, 1990).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, C. V. de. *Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa*. Viçosa, MG: UFV, 2000. 80 p. **Dissertação** (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- BALIEIRO, J.C.C., LOPES, P.S., ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., EUCLYDES, R.F., CECON, P.R. Efeito da heterogeneidade da variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: análises de características múltiplas para peso à desmama. **In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**, 41, 2004, Campo Grande, SBZ, 2004, p. 1-4.
- CANAVESI, F., SCHAEFFER, L. R., BURNSIDE, E. B., JANSEN, G. B., ROZZI, P. Sire by herd interaction effect when variances across herds are heterogeneous. I. Expected genetic progress. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.112, n.2, p.95-106, 1995.
- DONG, M.C.; 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, p. 843-851. 1990.
- FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. **American Nature**, v. 86, n. 830, p. 293-298, 1952.
- FAMULA, T. Detection of heterogeneous variance in herd production groups. **Journal of Dairy Science**. v. 72, p. 715-721. 1989.
- FREITAS, A. R. de. Avaliação de procedimentos na estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 1, p. 94-102, 2000.
- 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, p.409-421, 1987.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biological Review**, v. 22, n. 2, p. 195-213, 1947.
- HILL, W. G. On selection among groups with heterogeneous variance. **Animal Production**, v. 39, n. 3, p. 473-477, 1984.
- 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, p. 59-68, 1983.
- IBAÑEZ, M. A., CARABAÑO, M. J., FOULLEY, J. L., ALENDA, R. Heterogeneity of herd-period phenotypic variances in the Spanish Holstein-Friesian cattle: sources of heterogeneity and genetic evaluation. **Livestock Production Science**, v. 45, n. 01, p. 137-147, 1996.
- KELLEHER, D. J., FREEMAN, A. E., LUSH, J. L. Importance of bull x herd-year-season interaction in milk production. **Journal of Dairy Science**, v.50, n.10, p. 1703-1707, 1966.

LUSH, J.L. **Melhoramento genético dos animais domésticos**. Rio de Janeiro, SEDEGRA. 1964. 570p.

MACEDO, M.P., WECHSLER, F.S., RAMOS, A.A., AMARAL, J.B., SOUZA, J.C., RESENDE, F.D., OLIVEIRA, J.V. Composição Físico-Química e Produção do Leite de Búfalas da Raça Mediterrâneo no Oeste do Estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n.3, p.1084-1088, 2001 (Suplemento 1).

MEYER, K. Estimates of variance due to sire x herd interactions and environmental covariances between paternal half-sibs for first lactation dairy production. **Livestock Production Animal Science**, v.17, n.1, p.95-115, 1987.

MOHAMMAD, W.A.; LEE, A.J.; GROSSMAN, M. Interactions of sires with feeding and management factors in Illinois Holsteins cows. **Journal of Dairy Science**. v. 65, p. 625-631. 1981.

MOSSE, G. Estudo do desempenho reprodutivo e produtivo de um rebanho bubalino. In: ENCONTRO SOBRE BUBALINOS. 1979.Araçatuba. **Anais...** Araçatuba: SBZ, 1979. p. 210-217.

NASCIMENTO, C.N.B., CARVALHO, L.O.D.M. Características reprodutivas de búfalas da raça Mediterrâneo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 15, 1978. Belém. **Anais...**Belém: SBZ. 1978. p. 149.

NORMAN, H. D. Factors that should be considered in a national sire summary model. **Journal of Dairy Science**, v.57, n.7, p. 955-962, 1974.

REIS, J. de C., LÔBO, R. B. **Interação genótipo-ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: J.C.R./R.B.L., 1991. 194p.

PROMEBUL. Projeto de Melhoramento Genético dos Bubalinos. PROMEBUL-CABUL. Centro de Avaliação dos Bubalinos (CABUL) FMVZ/UNESP/Botucatu. Disponível em: <http://www.sernet.com.br/canais/agropec.asp>. Acesso em 03/10/2006.

RAMOS AA. Projeto de Melhoramento Genético dos Bubalinos-PROMEBUL-D.P.E.A./FMVZ/UNESP. 2/3/2003. Disponível em <http://www.ruralnews.com.br/>. Acesso em 03/10/2006.

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, p.1700-1714, 1991.

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.

TORRES, R. A., BERGMANN, J. A. G, COSTA, C. N., PEREIRA, C. S., VALENTE, J., PENNA, V. M., TORRES FILHO, R. A. Ajustamento de variâncias para a produção de leite entre rebanhos da raça holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 2, p. 295-303, 1999.

VALENCIA, 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., MEUWINSSEN, T.H.E., JONG, G. DE. Effects of correlation for heterogeneity of variance on bias and accuracy of breeding value estimation for Dutch dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.77, p. 3174-3184. 1994

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

VANVLECK, L.D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. **Journal of Dairy Science**, v. 70. p. 337-344. 1986.

VILLARES, J.B, SANTIAGO, A.A., BATTISTON, W.C. A produção de leite de búfalos em São Paulo (resultado de 15 anos de controle leiteiro de búfalos em São Paulo). Campinas: **Fundação Cargill**. p. 253-276. 1979.

VINSON, W. E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. **Journal of Dairy Science**, v.70, n.9, p.2450-2455, 1987.

VISSCHER, P. M. On the estimation of variances within herd-mean production groups. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 6, p. 1987-1992, 1991.

WINKELMAN, A., SCHAEFFER, L. R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**. v.71, p. 3033. 1988.

CAPÍTULO I
INTERAÇÕES REPRODUTOR X REBANHO E REPRODUTOR X
REBANHO-ANO NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BÚFALOS

RESUMO

Interações reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano na avaliação genética de búfalas

Registros de produção de leite foram utilizados com o objetivo de verificar o efeito da inclusão da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano nos modelos de avaliação genética de búfalos da raça Murrah. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se seis modelos de características simples, considerando como efeitos fixos estação de parto e rebanho-ano de parto e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático). Os seis modelos utilizados foram: 1 – modelo aditivo; 2 – modelo de repetibilidade; 3 – modelo aditivo com interação reprodutor x rebanho; 4 – modelo aditivo com interação reprodutor x rebanho-ano; 5 – modelo de repetibilidade com interação reprodutor x rebanho e 6 – modelo de repetibilidade com interação reprodutor x rebanho-ano. A média obtida para produção de leite foi de 1736,66 Kg. Com exceção da inclusão da interação reprodutor x rebanho, as inclusões do efeito de ambiente permanente, ou da interação reprodutor x rebanho-ano no modelo aditivo foram significativas ($P < 0,06$) e ($P < 0,05$) respectivamente. No modelo de repetibilidade somente a inclusão da interação reprodutor rebanho-ano foi significativa ($P < 0,05$). A não inclusão do efeito de ambiente permanente ao modelo aditivo inflacionou as estimativas da variância genética aditiva e da herdabilidade para a produção de leite. A inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho-ano é mais importante do que o efeito da interação reprodutor x rebanho nos modelos de avaliação genética de bubalinos para produção de leite. As correlações de Pearson e de Spearman indicaram que não há diferença na classificação dos reprodutores para fins de seleção quando se utilizam os modelos 2, 5 ou 6.

ABSTRACT

Sire x herd and sire x herd-year interactions on genetic evaluation of buffaloes

Milk yield records were used to evaluate the effect of sire x herd and sire x herd-year interactions on genetic evaluation of Murrah buffaloes. The (co)variance components were estimated by restricted maximum likelihood method using six models in single trait analyses, considering season and herd-year of birth as fixed effects and cow age as covariate (linear and quadratic effects). The following models were used: 1 – additive; 2 – repeatability; 3 – additive with sire x herd interaction; 4 – additive with sire x herd-year interaction; 5 – repeatability with sire x herd interaction; and 6 – repeatability with sire x herd-year interaction. An average of 1736.66 Kg was obtained for milk production. There were significant effects of the inclusion of permanent environment or sire x herd-year interaction on the additive model ($P < 0.06$ and $P < 0.05$, respectively), and sire x herd-year interaction on the repeatability model ($P < 0.05$). The non-inclusion of permanent environment effect on the additive model inflated the estimates of additive genetic variance and heritability for milk yield. The sire x herd-year interaction showed more important than sire x herd interaction on genetic evaluation of buffaloes for milk yield. Correlation between breeding values showed that sires would be classified in similar way considering the models 2, 5 or 6.

INTRODUÇÃO

O Brasil, de acordo com o IBGE (2006), apresentava um rebanho bubalino de 1.173.629 cabeças em 2005. Sendo que esses animais se distribuíam pelas cinco regiões do país, nas seguintes quantidades e proporções: Norte: 728.004 (62,03%); Nordeste: 121.662 (10,37%); Sudeste: 113.862 (9,7%); Sul: 144.531 (12,3%) e Centro-Oeste: 65.570 (5,6%).

O búfalo tem produção de leite por lactação variando de 500 a 4.000 Kg, dependendo da raça e manejo utilizados. No Brasil, Tonhati et al. (2000) encontraram para esta característica uma média de $1.259,47 \pm 523,09$ kg de leite por lactação em rebanhos explorados no estado de São Paulo. A duração da lactação pode variar de 260 até 327 dias, sendo bastante influenciada pelo manejo adotado (Nascimento & Carvalho, 1978).

O ambiente de seleção dos animais tem sido amplamente discutido na literatura. De acordo com Reis & Lôbo (1991) o ambiente condiciona os resultados do processo de melhoramento. Segundo Hammond (1947), a seleção deve ser feita em ambiente superior para que o animal possa mostrar todo o seu potencial; por outro lado, Lush (1964) argumenta que a seleção dos futuros reprodutores deva ser feita em condições ambientais semelhantes às quais suas progênes serão submetidas.

Falconer (1952) sugere que, dependendo do ambiente, o grupo de genes responsável pela expressão de determinada característica pode não ser o mesmo. Desta forma, incluir a interação genótipo-ambiente nos modelos de avaliação genética resultaria em resultados melhores.

Com este estudo, objetivou-se verificar o efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano sobre as produções de leite em registros de lactação de búfalas e determinar qual o modelo mais indicado na avaliação genética dos animais.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados de produção de leite de rebanhos bubalinos foram cedidos pelo Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de São Paulo - UNESP, campus de Jaboticabal.

Os dados foram editados de forma a eliminar registros de lactações incompletas e encerradas por causas anormais de secagem. Foram eliminadas as lactações inferiores a 64 dias e registros após 305 dias de lactação observada. A idade das búfalas ao parto variou de 24 a 266 meses.

Os meses de parto das búfalas foram agrupados em duas épocas, época 1, de abril a setembro, que corresponde aos meses de menor incidência de chuvas, e época 2, correspondente aos meses de outubro a março, em que há maior precipitação pluviométrica, à exceção de um rebanho situado na região Nordeste, onde se considerou o inverso. Posteriormente, os efeitos fixos de rebanho e ano foram agrupados em subclasses, sendo exigidos, no mínimo, quatro observações por subclasse de rebanho-ano.

Para que fosse possível investigar o efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano sobre produção de leite, foi exigido que cada reprodutor tivesse, no mínimo, duas filhas distribuídas em mais de um rebanho.

Feitas as eliminações necessárias, o arquivo de dados constituiu de 1774 lactações, oriundas de 754 búfalas da raça Murrah, filhas de 39 reprodutores, as quais, pariram no período de 1987 a 2005, e estavam distribuídas em 13 rebanhos, 12 no Estado de São Paulo e um rebanho no Estado do Ceará. A duração da lactação se manteve de 64 a 305 dias e a idade ao parto variou de 24 a 185 meses. Na Tabela 1 consta o número de animais por ordem de parto. A conexão dos dados foi feita para avaliar reprodutor-rebanho em função das filhas.

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e os valores genéticos preditos foram obtidos utilizando o programa MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood), descrito por Boldman et al. (1995), utilizando modelo animal. Este programa utiliza o algoritmo simplex para localizar o mínimo de $-2\log_e L$,

sendo L a função de verossimilhança; os componentes de (co)variância que minimizam a função $-2\log_e L$ são estimativas de verossimilhança. Utilizou-se como critério de convergência, a variância dos valores do simplex, igual a 10^{-9} . Para conferir a convergência repetiu-se a análise e observou-se o valor do $-2\log_e L$, para que os valores fossem iguais até a quarta casa decimal.

Tabela 1. Freqüência do número de animais por lactação

Número de lactações	Quantidade de animais
1	318
2	186
3	100
4	69
5	28
6	27
7	14
8	6
9	5
10	2

O arquivo de pedigree que originou a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM), utilizada em todas as análises, continha 864 animais diferentes, 1776 elementos não-zero na NRM e nenhum animal endogâmico, conseqüentemente, o coeficiente médio de endogamia foi igual a zero.

As análises foram conduzidas utilizando-se seis modelos de características simples, nos quais, foram considerados como efeitos fixos estação de parto e rebanho-ano de parto e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático). Os efeitos aleatórios dos seis modelos são descritos a seguir: 1 – modelo aditivo (efeito aditivo e erro); 2 – modelo de repetibilidade (modelo 1 mais efeito de ambiente permanente); 3 – modelo aditivo com a interação reprodutor x rebanho (modelo 1 mais interação reprodutor x rebanho); 4 – modelo aditivo com interação reprodutor x rebanho-ano (modelo 1 incluindo a interação reprodutor x rebanho-ano); 5 – modelo de repetibilidade com a interação reprodutor x rebanho (modelo 2 incluindo a interação reprodutor x rebanho); 6 – modelo de repetibilidade

com a interação reprodutor x rebanho-ano (modelo 2 incluindo a interação reprodutor x rebanho-ano).

A importância da inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano e ambiente permanente no modelo de avaliação genética dos animais, foi verificada utilizando-se o teste da razão de verossimilhança de modelos seqüencialmente reduzidos (Rao, 1973). A estimativa da estatística do teste da razão de verossimilhança (LR) foi comparada com o valor obtido por meio da distribuição de qui-quadrado (χ^2), com 1 grau de liberdade. A estimativa foi obtida pela expressão

$$LR_{ij} = -2\log_e(L_j/L_i),$$

$$LR_{ij} = 2\log_e(L_i) - 2\log_e(L_j),$$

$$LR_{ij} = 2[\log_e(L_i) - \log_e(L_j)],$$

em que

LR_{ij} é a estatística do teste da razão de verossimilhança para modelos seqüencialmente reduzidos;

L_i é o máximo da verossimilhança para o modelo completo i ; e

L_j é o máximo da verossimilhança para o modelo reduzido j .

A hipótese de nulidade testada implicou que as funções de verossimilhança dos modelos completo e reduzido não diferiam entre si, ou seja,

$$H_0 : -2\log_e(L_i) = -2\log_e(L_j),$$

A regra decisória empregada foi:

se $LR_{ij} > \chi_{tab}^2$, o teste era significativo e o modelo completo fornecia maior valor da função de verossimilhança em relação ao modelo reduzido;

se $LR_{ij} < \chi_{tab}^2$, o teste era não-significativo e o modelo completo não fornecia maior valor da função de verossimilhança em relação ao modelo reduzido.

Os valores genéticos preditos dos animais para a produção de leite foram organizados em arquivos, com a finalidade de se verificar possíveis alterações na magnitude das predições dos valores genéticos e no ordenamento dos reprodutores baseado em tais predições, quando a interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano foi incluída no modelo, por meio das correlações de Pearson e Spearman.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média observada da produção de leite até 305 dias, referente a 1774 lactações provenientes de 754 búfalas, no período de 1987 a 2005, foi de 1736,66 Kg, com desvio-padrão de 705,85 e coeficiente de variação de 40,64%. Valores menores foram encontrados por Fraga et al. (2006), com produção média por lactação de 820 kg, em Cuba; por Tonhati et al. (2000), 1259,47 kg, no Brasil; por Patel & Tripathi (1998) que em búfalos Surti, encontraram média de 1442,6 Kg. Entretanto, valores superiores foram encontrados por Baghdasar & Juma (1998), 5419,95 kg, no Iraque; por Rosati & Van Vleck (1998), 2286,8 kg, na Itália e por Moili et al. (2006), 2184 kg, na Itália. Todavia; Khan (1998) ao estudar búfalos Nili-Ravi no Paquistão encontrou valores variando de 1835 a 2543 Kg.

A maior produção por lactação, em búfalas, observada no presente trabalho foi por volta do 108º mês de idade.

Os valores de $-2 \log_e L$, do teste da razão de verossimilhança (LR) e do nível de significância, estão apresentados na Tabela 2.

Verifica-se que a inclusão do efeito de ambiente permanente (modelo 2 vs modelo 1; $P=0,052$), da interação reprodutor rebanho-ano (modelo 4 vs modelo 1; $P=0,047$), no modelo aditivo foram significativas. A inclusão da interação reprodutor x rebanho no modelo de repetibilidade (modelo 5 vs modelo 2; $P=0,219$), não foi significativa, enquanto que a inclusão da interação reprodutor x rebanho-ano (modelo 6 vs modelo 2; $P=0,025$) foi significativa .

Silva (2002) ao trabalhar com bubalinos, também não encontrou efeito significativo da inclusão da interação reprodutor x rebanho no modelo de repetibilidade. Entretanto, Araújo (2000), ao trabalhar com bovinos da raça Holandesa, e Sirol et al. (2005), com bovinos da raça Pardo-Suiça, verificaram efeito significativo da inclusão da interação reprodutor x rebanho no modelo de repetibilidade.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, de efeitos de ambiente permanente, da interação reprodutor x rebanho, da interação reprodutor x rebanho-ano e residual, para produção de leite estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 2. Valores de -2 vezes o logaritmo natural da função de verossimilhança ($-2 \log_e L$) e do teste da razão de verossimilhança (LR_{ij}), para modelos seqüencialmente reduzidos, obtidos para produção de leite em búfalas, em análises de características simples

Modelo	$-2\log_e L$	LR	Nível de significância
(1)Aditivo	22.658,5037	-	-
(2)A + P	22.654,7100	3,793797	0,052099609
(3)A+RR	22.655,3691	3,134660	0,081110901
(4)A+RRA	22.654,5854	3,918380	0,046616186
(5)A+P+RR	22.654,7099	3,04E-05	0,219078768
(6)A+P+RRA	22.650,3313	4,378671	0,026356906

A + P= aditivo + ambiente permanente, A+RxR= aditivo + interação reprodutor x rebanho; A+RxRA= aditivo + interação reprodutor x rebanho-ano, A+P+RxR= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho; A+P+RxRA= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho-ano.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente ($\sigma_{c_1}^2$), da interação reprodutor x rebanho ($\sigma_{c_2}^2$), da interação reprodutor x rebanho-ano ($\sigma_{c_3}^2$) e residual (σ_e^2) para produção de leite em búfalas, em análise de característica simples

Modelo	Componentes de variância				
	σ_a^2	$\sigma_{c_1}^2$	$\sigma_{c_2}^2$	$\sigma_{c_3}^2$	σ_e^2
(1)Aditivo	135.186,081	-	-	-	165.086,573
(2)A + P	57.414,559	63919,5	-	-	164.142,767
(3)A+RR	132.176,705	-	7870,55	-	163.389,444
(4)A+RRA	135.545,905	-	-	9988,00	156.675,128
(5)A+P+RR	57.502,2693	63911,2	0,038309	-	164.144,258
(6)A+P+RRA	53.060,472	67674,9	-	10651,6	155.285,904

A + P= aditivo + ambiente permanente, A+RxR= aditivo + interação reprodutor x rebanho; A+RxRA= aditivo + interação reprodutor x rebanho-ano, A+P+RxR= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho; A+P+RxRA= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho-ano; σ_a^2 = variância genética aditiva; $\sigma_{c_1}^2$ = variância de ambiente permanente; $\sigma_{c_2}^2$ = variância da interação reprodutor x rebanho; $\sigma_{c_3}^2$ = variância da interação reprodutor x rebanho-ano e σ_e^2 = variância residual.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva para produção de leite foram maiores nos modelos 1, 3 e 4, quando comparadas aos modelos que consideram o efeito de ambiente permanente 2, 5 e 6,

respectivamente. Assim, constata-se que a inclusão do efeito de ambiente permanente causou redução na variância genética aditiva.

Silva (2002) ao trabalhar com parte destes dados encontrou valores superiores para variância genética aditiva 66.601,81; 66.187,01 e 64.989,44; respectivamente, para os modelos aditivo + ambiente permanente, aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho; e aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho-ano. Também observou que a inclusão reprodutor x rebanho causou redução na variância genética aditiva. Enquanto que Sirol et al. (2005), ao trabalhar com dados de produção de leite da raça Pardo-Suiça, encontraram que as estimativas de (co)variância genética aditiva e residuais praticamente não alteraram quando os modelos foram ajustados para os efeitos da interação reprodutor x rebanho.

A redução na estimativa do componente de variância do efeito de ambiente permanente foi de 0,013%, quando o termo da interação reprodutor x rebanho foi incluído no modelo de repetibilidade (modelo 5 vs 2). Entretanto, ao incluir termo da interação reprodutor x rebanho-ano houve aumento de 5,87% (modelo 6 vs 2), evidenciando a importância da inclusão da interação reprodutor x rebanho-ano e confirmando os resultados do teste da razão de verossimilhança (Tabela 2).

Silva (2002) ao trabalhar os modelos 2, 5 e 6, em búfalas, encontrou menores valores para o componente de variância de efeito de ambiente permanente, 37.942,52; 37.905,22 e 37.983,33, respectivamente. A inclusão da interação reprodutor x rebanho causou queda de 0,98% no componente, enquanto que, ao incluir a interação reprodutor x rebanho-ano, houve aumento de 0,107%.

As estimativas dos componentes de variância residual foram menores nos modelos que incluíram a interação reprodutor x rebanho-ano (cerca de 5% no modelo 4 vs 1; e 6 vs 2). Enquanto que a inclusão da interação reprodutor x rebanho causou redução de 1,03% na estimativa do componente de variância residual, no modelo aditivo e, no modelo de repetibilidade a alteração foi apenas de 9 E-06%. Esses resultados indicam que a inclusão da interação reprodutor x rebanho-ano é mais importante do que a da interação reprodutor x rebanho nos modelos de avaliação genética de bubalinos.

As estimativas de herdabilidade e proporção de variância fenotípica em relação aos modelos com efeitos de ambiente permanente, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano, para produção de leite, estão apresentados na Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas de herdabilidade (h^2) e proporções da variância fenotípica em relação aos efeitos de ambiente permanente (C^1), efeito da interação reprodutor x rebanho (C^2), efeito da interação reprodutor x rebanho-ano (C^3) e proporção ambiental da variância total (e), para produção de leite em búfalas, em análise de característica simples

Modelo	Produção de leite				
	h^2	C^1	C^2	C^3	e
(1)Aditivo	0,45 (0,031)	-	-	-	0,55 (0,031)
(2)A + P	0,20 (0,091)	0,22 (0,085)	-	-	0,57 (0,030)
(3)A+RR	0,44 (0,033)	-	0,026 (0,019)	-	0,54 (0,031)
(4)A+RRA	0,45 (0,030)	-	-	0,033 (0,018)	0,52 (0,033)
(5)A+P+RR	0,20 (0,094)	0,22 (0,086)	0,13E-06	-	0,57 (0,030)
(6)A+P+RRA	0,19 (0,090)	0,24 (0,084)	-	0,037 (0,019)	0,54 (0,033)

A + P= aditivo + ambiente permanente, A+RxR= aditivo + interação reprodutor x rebanho; A+RxRA= aditivo + interação reprodutor x rebanho-ano, A+P+RxR= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho; A+P+RxRA= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho-ano. Os valores entre parênteses correspondem ao erro padrão.

A estimativa de herdabilidade obtida para a característica de produção de leite reduziu de 0,45 para 0,20 quando se incluiu o efeito de ambiente permanente no modelo aditivo. Assim, quando não se considera o efeito de ambiente permanente, os ganhos genéticos esperados ficam inflacionados. Ao acrescentar a interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano no modelo, as estimativas de herdabilidade não apresentaram grandes variações. Resultados semelhantes foram obtidos por Araújo (2000), ao trabalhar com vacas da raça Holandesa e Silva (2002), ao trabalhar com búfalas.

As estimativas de herdabilidade para a produção de leite, em búfalas, encontradas por Khan (1998), no Paquistão (0,18); e por Raheja (1998), na

Índia (0,19), foram próximas as encontradas nos modelos 2, 5 e 6 do presente trabalho. Estimativas mais altas, no Brasil, foram encontradas por Tonhati & Vasconcelos (1998), 0,25; Tonhati et al. (2000), 0,28; e Silva (2002), 0,31. Valores abaixo dos estimados nesse estudo foram obtidos por Rosati & Van Vleck (1998), 0,14; e Kalsi & Dhillon (1984), 0,13.

A proporção da variância fenotípica devido aos efeitos de ambiente permanente (C^1) foi de 0,22 para os modelos 2 e 5, e de 0,24 para o modelo 6. Enquanto Silva (2002) encontrou valores um pouco abaixo (0,18) para os mesmos modelos em bubalinos. Rosati & Van Vleck (1998) encontraram valores semelhantes (0,24) ao do presente trabalho.

A proporção que representa a interação reprodutor x rebanho diminuiu com a inclusão do efeito de ambiente permanente no modelo, 0,027 (modelo 3) e 0,13 E-06 (modelo 5), fato não observado com a inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, 0,033 (modelo 4) e 0,037 (modelo 6) (Tabela 4). Silva (2002) encontrou valores menores para os modelos que consideram os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano, respectivamente de 0,26 E-07 (modelo 5) e 0,02 (modelo 6), em búfalos. Sirol et al. (2005), trabalhando com bovinos da raça Pardo-Suíça encontraram também que a proporção da variação total explicada pelas interações reprodutor x rebanho foram quase nulas para produção de leite.

As médias, os desvios-padrão, valores máximos, valores mínimos e amplitudes dos valores genéticos preditos para os animais obtidos para a característica produção de leite, sob os diferentes modelos, podem ser observados na Tabela 5. As correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos preditos para a produção de leite encontram-se na Tabela 6.

A amplitude entre os valores genéticos preditos para os animais foi muito diferente entre os modelos 1 e 2. Porém, essa diferença é menor quando se comparam os modelos 1, 3 e 4 ou 2, 5 e 6.

Tabela 5. Média dos valores genéticos preditos para todos os animais, desvios-padrão, valores máximos, valores mínimos e amplitudes produção de leite em búfalas, em análise de característica simples

Modelos	Valores genéticos preditos				
	Média	DP	Amplitude	Mínimo	Máximo
(1)Aditivo	-6,70903	254,2341	2009,420	-813,4204	1196
(2)A + P	-6,21746	135,7058	995,0106	-439,9113	555,0993
(3)A+RR	-4,71076	243,4701	1953,337	-777,3368	1176
(4)A+RRA	-6,26055	253,4086	2007,501	-804,5006	1203
(5)A+P+RR	-6,21974	135,8125	995,7977	-440,2247	555,5730
(6)A+P+RRA	-5,69773	126,1884	918,6691	-408,5506	510,1185

A + P= aditivo + ambiente permanente, A+RxR= aditivo + interação reprodutor x rebanho; A+RxRA= aditivo + interação reprodutor x rebanho-ano, A+P+RxR= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho; A+P+RxRA= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho-ano; σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_{cl}^2 = variância de ambiente permanente; DP= Desvio-padrão.

Tabela 6. Coeficiente de correlação de Pearson, acima da diagonal, e de Spearman, abaixo da diagonal, entre os valores genéticos preditos para produção de leite, em análise de característica simples

Modelos	1	2	3	4	5	6
1	1	0,95076	0,99621	0,99873	0,95088	0,94719
2	0,94735	1	0,93433	0,94568	1,00000	0,99847
3	0,99527	0,92927	1	0,99725	0,93447	0,93263
4	0,99826	0,94184	0,99646	1	0,94581	0,94453
5	0,94748	1	0,92942	0,94197	1	0,99847
6	0,94301	0,99778	0,92731	0,94068	0,99777	1

1= modelo aditivo, 2= A + P= aditivo + ambiente permanente, 3= A+RxR= aditivo + interação reprodutor x rebanho; 4= A+RxRA= aditivo + interação reprodutor x rebanho-ano, 5= A+P+RxR= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho; 6= A+P+RxRA= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho-ano.

A correlação de Pearson foi igual à unidade entre os modelos 2 (aditivo mais ambiente permanente) e 5 (aditivo mais ambiente permanente mais a interação reprodutor x rebanho) e próximo a 1 entre os modelos 5 e 6 (aditivo mais ambiente permanente mais a interação reprodutor x rebanho-ano). O mesmo aconteceu para a correlação de Spearman. Isso implica que não há diferença entre os modelos 2 e 5. Apesar da correlação entre os modelos 5 e 6 ser alta, houve diferença estatística significativa ao utilizar a interação reprodutor x rebanho-ano (Tabela 2). Assim, apesar do teste de razão de verossimilhança ter sido significativo ($P < 0,03$), não se espera

mudança significativa na magnitude dos valores genéticos preditos quando o modelo é ou não ajustado para o efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano.

Resultados semelhantes foram obtidos por Silva et al. (2002). Sirol et al. (2005) também encontraram para animais da raça Pardo-Suiça, correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos obtidos pelos diferentes modelos próximas a 1. O mesmo foi observado por Mohammad et al. (1982), que encontraram correlação de Pearson e de Spearman acima de 0,99 para modelos que incluíam e que ignoravam o efeito da interação reprodutor x rebanho e concluíram que ignorar o efeito da interação não causaria maiores alterações na classificação dos reprodutores em bovinos da raça Holandesa.

Não houve grandes alterações no ordenamento dos animais com base nos valores genéticos preditos, quando se utilizaram os diferentes modelos. Ao se comparar os 20 melhores animais observa-se que 65% deles foram comuns em todos os modelos (Tabela 7). Resultado esse confirmado pelas estimativas de correlação de Spearman que foi igual a unidade entre os modelos 2 e 5 e próximas a unidade entre os modelos 2 e 6. Comportamento semelhante foi verificado para correlação de Pearson.

Ao se comparar os modelos 2 e 5, observa-se que os 20 melhores animais foram comuns; e que 95% foram comuns entre os modelos 1 e 4, 2 e 6, 3 e 4, e 5 e 6. A menor percentagem de animais em comum foi observada entre os modelos 2 e 3, 3 e 5, 3 e 6, e 4 e 5.

Tabela 7. Valores genéticos preditos dos vinte melhores animais nos modelos 1, 2, 3, 4, 5 e 6

Modelo aditivo		Modelo 2		Modelo 3		Modelo 4		Modelo 5		Modelo 6	
ID	VG	ID	VG	ID	VG	ID	VG	ID	VG	ID	VG
145	1196,199175	417	555,099273	145	1176,458158	145	1202,885413	417	555,573032	417	510,118508
417	1096,918037	145	534,741842	417	1021,933134	417	1083,087238	145	535,263843	145	500,446971
648	932,169385	830	443,041801	535	925,531012	648	946,064351	830	443,419160	830	406,857072
535	916,531689	648	417,798173	648	904,522785	535	940,492253	648	418,269010	648	389,193901
158	866,897851	535	407,532504	158	880,667644	158	874,750424	535	407,951156	535	388,678508
830	829,170969	633	399,643734	830	783,759571	830	815,939882	633	400,032722	158	373,762665
763	804,776426	158	396,902144	372	757,467738	763	797,078757	158	397,264084	633	368,644302
633	789,345535	780	387,983107	763	756,916825	633	783,553783	780	388,305834	780	361,965814
707	729,145247	88	377,104287	633	735,288004	707	755,150389	778	377,345364	88	347,851767
372	704,552849	778	377,029700	707	714,328625	372	716,738100	88	377,246737	778	343,801016
780	692,384619	763	355,236708	599	687,152329	780	694,440688	763	355,629186	533	324,039457
533	681,656841	533	352,189245	780	674,324676	599	684,550793	533	352,536469	708	320,667190
778	670,211976	708	342,453984	533	655,734153	156	675,159165	708	342,801505	763	318,772181
156	666,651135	498	340,036913	156	635,988657	533	674,976642	498	340,275739	707	313,277979
708	654,593767	781	330,849318	778	635,410788	708	659,764026	781	331,076036	498	312,627546
638	650,632615	829	330,147344	708	635,173974	778	651,799147	829	330,387198	781	307,745756
599	647,109638	494	324,896616	638	615,855574	135	629,955574	494	325,188312	494	301,316618
135	615,840639	707	324,539277	135	600,695858	638	624,301576	707	324,866834	829	300,288924
494	594,167074	92	315,587774	412	583,553355	412	592,398731	92	315,884408	92	290,646106
276	589,146008	413	303,638671	276	573,741561	494	590,895416	413	303,826051	156	285,113078

ID= Identificação dos animais; VG= valor genético predito; 1= modelo aditivo, 2= A + P= aditivo + ambiente permanente, 3= A+RxR= aditivo + interação reprodutor x rebanho; 4= A+RxRA= aditivo + interação reprodutor x rebanho-ano, 5= A+P+RxR= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho; 6= A+P+RxRA= aditivo + ambiente permanente + interação reprodutor x rebanho-ano.

CONCLUSÕES

Na avaliação genética de búfalos deveria incluir no modelo os efeitos genético aditivo, de ambiente permanente e a interação reprodutor x rebanho-ano.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, C.V. Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa. **Dissertação de mestrado**. Universidade Federal de Viçosa, 2000. 92p.

BAGHDASAR, G.A., JUMA, K.H. Some aspects of life performance of Iraqi buffalo (*Bubalus bubalis*) cows. **In: World Congress on Genetic Applied to Livestock Production**, 6, Armidale, Austrália. Proceedings... Armidale, 1998, v.24, p. 474-478.

BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., VAN VLECK, L. D., VAN TASSELL, C. P., KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture / Agriculture Research Service, 1995.

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

FRAGA, L.M., DE LEÓN, R.P., GUTIÉRREZ, M., FUNDORA, O., MORA, M., GONZÁLEZ, M.E. Sire dam evaluation in buffaloes considering total milk production ability. **In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil, 2006.

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

<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/agropecuaria/censoagro/default.shtm>. Acesso em 18/01/2007.

KALSI, J.S.; DHILLON, J.S. **Indian Journal Dairy Science**, v. 37, p. 269-271, 1984

KHAN, M. S. Animal model evaluation of Nili-Ravi buffaloes. **In: World Congress on Genetic Applied to Livestock Production**, 6, Armidale, Austrália. Proceedings...Armidale, 1998, v.24p. 467-470.

LUSH, J.L. **Melhoramento genético dos animais domésticos**. Rio de Janeiro, SEDEGRA. 1964. 570p.

MOHAMMAD, W. A., LEE, A. J., GROSSMAN, M. Genotype-environment interaction in sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.65, n.5, p. 857-860, 1982.

MOIOLI, B., COLETTA, A., FIORETTI, M., KHAN, M.S. Genetic improvement of dairy buffalo: constraints and perspectives. **In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil, 2006.

NASCIMENTO, C.N.B.; CARVALHO, L.O.D.M. Características reprodutivas de búfalas da raça Mediterrâneo. **In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**, 15, 1978. **Anais...** Belém: SBZ. 1978. p. 149.

PATEL, A.K., TRIPATHI, V.N. Genetic studies on lifetime performance in Surti buffalo. **In: World Congress on Genetic Applied to Livestock Production**, 6, Armidale, Austrália. Proceedings...Armidale, 1998, v.24p. 471-473.

RAHEJA, K.L. Multi-variate restricted maximum likelihood estimates of genetic and phenotypic parameters of lifetime performance traits for Murrah buffalo. **In:** World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, 6, Armidale, Austrália. Proceedings...Armidale, 1998, v.24p. 463-466.

RAO, C. R. **Linear statistical inference and its applications**. 2. ed., New York: John Wiley e Sons, 1973. 552 p.

REIS, J. de C., LÔBO, R. B. **Interação genótipo-ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: J.C.R./R.B.L., 1991. 194p.

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.

SILVA, H.C. Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite em búfalos. **Dissertação de mestrado**. Universidade Federal de Viçosa, 2002. 51p.

SIROL, M.L.F.G., EUCLYDES, R.F., TORRES, R.A., LOPES, P.S., PEREIRA, C.S., ARAÚJO, C.V., RENNÓ, F.P. Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre as produções de leite e de gordura na raça Pardo-Suiça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.5, p.1573-1580, 2005.

TONHATI, H., VASCONCELLOS, B.F. Genetic aspects of productive and reproductive traits in Murrah 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., 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 Bubalinos¹. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n.6, p. 2051-2056, 2000 (Suplemento 1).

CAPÍTULO II
HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA
DE BÚFALAS NO BRASIL

RESUMO

Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de búfalas no Brasil

Registros de produção de leite, de 754 búfalas da raça Murrah, foram utilizados com o objetivo de avaliar o efeito da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se quatro modelos bi-característica, considerando como efeitos fixos estação de parto e rebanho-ano de parto e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático). Os quatro modelos utilizados foram: 1 – modelo aditivo; 2 – modelo de repetibilidade; 3 – modelo aditivo com inclusão da interação reprodutor x rebanho-ano; 4 – modelo de repetibilidade com inclusão da interação reprodutor x rebanho-ano. Os rebanhos foram classificados em duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite e efetivaram-se análises bi-características, considerando-se cada classe de desvio-padrão como característica diferente. Foi conduzida, também, uma análise unicaracterística, em que foram desconsideradas as classes de desvio-padrão fenotípico, incluindo o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano. As estimativas de componentes de variância genética aditiva foram maiores na classe de alto desvio-padrão, comparadas às de baixo desvio-padrão. Observou-se que a maioria dos animais selecionados nos arquivos sem estratificação foram selecionados para alto desvio-padrão. Apesar do aumento nas variâncias aditivas e do erro nas de classes de alto desvio-padrão, suas herdabilidades foram menores, com exceção do modelo 2 que apresentou herdabilidade maior para a classe de alto desvio-padrão. A estratificação dos rebanhos em búfalos para produção de leite em classes de alto e baixo desvios-padrão fenotípico corrigiu para a heterogeneidade de variância.

ABSTRACT

Heterogeneity of variances on genetic evaluation of buffaloes in Brazil

Milk yield records of 754 Murrah buffaloes were used to evaluate the effects of heterogeneity of variance among herds on genetic evaluation. The restricted maximum likelihood method was used to estimate the (co)variance components using four two-trait models, considering season and herd-year of birth as fixed effects and cow age as covariate (linear and quadratic effects). The following models were used: 1 – additive; 2 – repeatability; 3 – additive with sire x herd-year interaction; and 4 – repeatability with sire x herd-year interaction. Those models were used in two-trait analysis, considering two classes of phenotypic standard deviation for milk production as different traits. A single trait analysis was also carried out, without phenotypic standard deviation classes, including sire x herd-year interaction (model 4). In two-trait analyses, higher estimates of additive genetic variance components were obtained in high than in low standard deviation class. In the model 6 (without classes) the most part of animals selected for milk yield were from high standard deviation herds. Despite the increase of additive and residual variances in the high standard deviation class, their heritability estimates were lower, except for model 2 that showed high estimate in high standard deviation class. Despite the increase of additive and residual variances in the high standard deviation class, their heritability estimates were lower, except for model 2 that showed high estimate in high standard deviation class. The stratification of herds in high and low phenotypic standard deviation for milk yield correct for the heterogeneity of variance.

INTRODUÇÃO

De acordo com Tonhati (1997), a quase totalidade dos criatórios de búfalos no Brasil adota regime de criação 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.

Tendo em vista as mudanças nos sistemas de produção animal, as diferenças entre rebanhos leiteiros decorrentes de fatores climáticos, manejo e potencial genético dos indivíduos constituintes de cada rebanho, mostram-se discrepantes. Como conseqüência, essas diferenças podem resultar em diferentes níveis de produção, bem como na diferenciação da variabilidade da produção de leite entre rebanhos (Vinson, 1987).

Estimativas de componentes de variâncias têm se mostrado heterogêneas de acordo com diferentes níveis de produção e classes de desvio-padrão fenotípico dos rebanhos. Esta propriedade das variâncias proporciona desvios acarretando riscos de serem selecionados maiores proporções de animais dos rebanhos de maior variabilidade fenotípica e não necessariamente de maior valor genético, podendo assim, reduzir o progresso genético esperado (Hill et al., 1983).

Gianola (1986) sugeriu uma análise multicaracterística em que os arquivos dos rebanhos com diferentes variâncias poderiam ser considerados como características diferentes. Entretanto, este método requer estimativas de componentes de variância para cada rebanho. Mirande & Van Vleck (1985) reportaram que a variância residual na produção de leite aumentou com o tempo, especialmente, quando os arquivos de primeira lactação foram estratificados pela média de produção do rebanho.

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

De acordo com Martins (2002), de forma geral, três situações de ocorrência de heterogeneidade de variância podem ser discriminadas. A primeira situação é aquela em que há apenas heterogeneidade de variância residual, indicando que a fonte de heterogeneidade não afeta as diferenças entre genótipos, porém altera a magnitude dos resíduos. A segunda é aquela em que há apenas heterogeneidade de variância genética, indicando que a fonte de heterogeneidade de variância afeta a magnitude das diferenças entre os genótipos, mas, não afeta a magnitude dos resíduos. A terceira é aquela em que há heterogeneidade de variância genética e residual, indicando que a fonte de heterogeneidade afeta tanto a magnitude das diferenças entre genótipos como dos resíduos.

Com este estudo, objetivou-se avaliar o efeito da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de búfalas leiteiras no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados são provenientes de rebanhos bubalinos, coletados pelo Controle Leiteiro do Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de São Paulo - UNESP, campus de Jaboticabal.

Os dados foram editados de forma a eliminar registros de lactações incompletas e encerradas por causas anormais de secagem, lactações inferiores a 64 dias e registros após 305 dias de lactação. A idade das búfalas ao parto variou de 24 a 266 meses.

Os meses de parto das búfalas foram agrupados em duas épocas, época 1, de abril a setembro, que correspondem aos meses de menor incidência de chuvas, e época 2, que corresponde aos meses de outubro a março, em que há maior precipitação pluviométrica, à exceção de um rebanho situado na região Nordeste, onde se considerou o inverso. Posteriormente, os efeitos fixos de rebanho e ano foram agrupados em subclasses, sendo exigidas, no mínimo, quatro observações por subclasse de rebanho-ano.

Feitas as eliminações necessárias, o arquivo de dados continha 1774 lactações, oriundas de 754 búfalas da raça Murrah, filhas de 39 reprodutores, as quais, pariram no período de 1987 a 2005, distribuídas em 13 rebanhos, 12 no Estado de São Paulo e um no Estado do Ceará. A duração da lactação se manteve de 64 a 305 dias, a idade ao parto variou de 24 a 185 meses. A conexão dos dados foi feita para avaliar reprodutor x rebanho em função das filhas.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e os valores genéticos preditos foram obtidos utilizando o programa MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood), descrito por Boldman et al. (1995), utilizando modelo animal. Este programa utiliza o algoritmo simplex para localizar o mínimo de $-2\log_e L$, sendo L a função de verossimilhança; os componentes de (co)variância que minimizam a função $-2\log_e L$ são estimativas de verossimilhança. Utilizou-se como critério de convergência a variância dos valores simples, igual a 10^{-9} . Para conferir a convergência repetiu-se a análise e observou-se o valor do -

$2\log_e L$, de modo a observar se os valores foram iguais até a quarta casa decimal.

Com o intuito de investigar a heterogeneidade de variâncias, utilizou-se o desvio-padrão fenotípico dos rebanhos para produção de leite até 305 dias de lactação, como critério para estratificar os dados em duas classes, com número aproximado de observações. Os rebanhos foram classificados em duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite e efetivaram-se análises bi-características, considerando-se cada classe de desvio-padrão como característica diferente. Foi conduzida, também, uma análise unicaracterística, em que foram desconsideradas as classes de desvio-padrão fenotípico, incluindo o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano. A classe de baixo desvio-padrão fenotípico corresponde aos dados cujo desvio-padrão da produção de leite do rebanho foram menores ou iguais a 600 kg, e a de alto desvio-padrão fenotípico, maiores que 600 Kg.

O arquivo de pedigree que originou a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM), utilizada em todas as análises, continha 864 animais diferentes, 1776 elementos não-zero na NRM e nenhum animal endogâmico, conseqüentemente, o coeficiente médio de endogamia foi igual a zero.

As análises foram conduzidas utilizando-se quatro modelos bi-característica, nos quais, foram considerados como efeitos fixos estação de parto e rebanho-ano de parto e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático). Os efeitos aleatórios dos quatro modelos são descritos a seguir: 1 – modelo bi-característica aditivo (efeito aditivo e erro); 2 – modelo bi-característica de repetibilidade (modelo 1 mais efeito de ambiente permanente); 3 – modelo bi-característica aditivo com a interação reprodutor x rebanho-ano (modelo 1 incluindo a interação reprodutor x rebanho-ano). 4 – modelo bi-característica de repetibilidade com a interação reprodutor x rebanho-ano (modelo 2 incluindo a interação reprodutor x rebanho-ano).

A estimativa da estatística do teste da razão de verossimilhança (LR) foi comparada com o valor obtido por meio da distribuição de qui-quadrado, com 1 grau de liberdade. A estimativa foi obtida pela expressão

$$LR_{ij} = -2\log_e(L_j/L_i),$$

$$LR_{ij} = 2\log_e(L_i) - 2\log_e(L_j),$$

$$LR_{ij} = 2[\log_e(L_i) - \log_e(L_j)],$$

em que

LR_{ij} é a estatística do teste da razão de verossimilhança para modelos seqüencialmente reduzidos;

L_i é o máximo da verossimilhança para o modelo completo i ; e

L_j é o máximo da verossimilhança para o modelo reduzido j .

A hipótese de nulidade a ser testada implicou que as funções de verossimilhança dos modelos completo e reduzido não diferiam entre si, ou seja,

$$H_0 : - 2\log_e(L_i) = - 2\log_e(L_j),$$

A regra decisória empregada foi:

se $LR_{ij} > \chi_{tab}^2$, o teste era significativo e o modelo completo fornecia maior valor da função de verossimilhança em relação ao modelo reduzido;

se $LR_{ij} < \chi_{tab}^2$, o teste era não-significativo e o modelo completo não fornecia maior valor da função de verossimilhança em relação ao modelo reduzido.

Os valores genéticos aditivos preditos dos reprodutores para produção de leite até 305 dias de lactação, incluindo-se ou não no modelo o termo da interação reprodutor x rebanho-ano, foram organizados em arquivos, objetivando verificar possíveis alterações no ordenamento das predições dos valores genéticos aditivos dos reprodutores, quando o termo da interação reprodutor x rebanho-ano foi incluído no modelo por meio da obtenção da correlação de Spearman e de Pearson.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias observadas, os desvios-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.

Os rebanhos que foram classificados como de baixo desvio-padrão apresentaram baixa produção, com exceção do rebanho 1011 que possui baixo desvio-padrão e alta produção. Assim como os que apresentaram alto desvio-padrão apresentaram alta produção.

Tabela 1. Rebanhos, médias, desvios-padrão, número de dados e classe de desvios-padrão nos rebanhos de búfalos da raça Murrah

Rebanhos	Média	Desvios-padrão	Classe	Dados
1008	1056,020	225,4957	1	5
1005	942,1167	250,1391	1	30
1037	1450,873	252,4226	1	12
1038	1335,806	263,2825	1	7
1006	1031,315	356,2357	1	84
1004	1109,669	433,7279	1	29
1054	1484,081	488,6128	1	47
1011	1805,115	514,7684	1	567
1001	1350,294	526,6930	1	91
1002	1663,620	601,9982	2	104
1010	1681,672	687,0033	2	544
1012	2633,542	763,2602	2	171
1032	1776,071	788,0340	2	83
Média geral	1736,663	705,8531	-	1774

Araújo (2000) e Torres et al. (1999), ao trabalharem com bovinos da raça Holandesa, também observaram que as médias de produção de leite do rebanho aumentaram da classe de baixo desvio-padrão fenotípico para a classe de alto desvio-padrão fenotípico do rebanho.

Os valores de $-2\log_e L$, do teste da razão de verossimilhança e do nível de significância estão apresentados na Tabela 2.

Verifica-se que as inclusões do efeito de ambiente permanente (modelo 2 vs modelo 1), da interação reprodutor x rebanho-ano no modelo de aditivo (modelo 3 vs 1) e da interação reprodutor x rebanho-ano no modelo de repetibilidade (modelo 4 vs modelo 2) não foram significativos. Isso implica que a estratificação dos rebanhos para a característica produção de

leite em classes de alto e baixo desvio-padrão, foi suficiente para corrigir o efeito da heterogeneidade de variância.

Tabela 2. Valores de -2 vezes o logaritmo natural da função de verossimilhança ($-2 \log_e L$) e do teste da razão de verossimilhança (LR_{ij}), para modelos seqüencialmente reduzidos, obtidos para produção de leite em búfalas, em análises das classes de desvio-padrão fenotípico

Modelo	$-2\log_e L$	LR	Nível de significância
M 1	22.589,8071	-	-
M 2	22.584,7722	5,034958	0,10252897
M 3	22.583,7781	6,029042	0,146282651
M 4	22.586,4911	1,718899	0,143424328

M1= Modelo bi-característica aditivo, M2= Modelo bi-característica que considera o efeito de ambiente permanente, M3= Modelo bi-característica que considera o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, e M4= Modelo bi-característica que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano.

Os componentes de variância para cada classe de desvio-padrão fenotípico, estimados pelos diferentes modelos, podem ser observados na Tabela 3.

As estimativas de componentes de variância genética aditiva para produção de leite foram maiores na classe de alto desvio-padrão, comparadas às de baixo desvio-padrão. Dentre os modelos, a maior variância aditiva foi verificada no modelo 1, para a classe de alto desvio-padrão. Enquanto que, para as estimativas de componentes de variâncias residuais, os maior foi observado no modelo 2, para a classe de alto desvio-padrão.

Torres et al. (1999), Costa et al. (1999) e Short et al. (1990) ao trabalharem com vacas da raça Holandesa, também observaram maiores valores nas estimativas de componentes de variância genética aditiva e residual, nas classes de maior desvio-padrão fenotípico. Enquanto que Boldman & Freeman (1990), obtiveram os mesmos resultados trabalhando com médias de produção.

Houve diminuição na estimativa do componente de variância do efeito de ambiente permanente quando o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano foi acrescentado.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente ($\sigma_{c_1}^2$), da interação reprodutor x rebanho-ano ($\sigma_{c_3}^2$) e residual (σ_e^2) para produção de leite em búfalas, nas classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo

Modelo	Componentes de variância				
	DP	σ_a^2	$\sigma_{c_1}^2$	$\sigma_{c_3}^2$	σ_e^2
M 1	Baixo	112.276,41546	-	-	113.693,10166
	Alto	159.940,01351	-	-	207.463,72468
M 2	Baixo	27.740,07416	70.945,9	-	111.856,04974
	Alto	144.399,85993	10.048,2	-	207.697,35301
M 3	Baixo	113.376,35133	-	292,209	113.404,29226
	Alto	159.454,77400	-	26184,2	188.548,29846
M 4	Baixo	108.706,98283	65,5019	0,311870	114.024,34529
	Alto	143.969,47494	661,815	9170,65	199.846,96386

M1= Modelo bi-característica aditivo, M2= Modelo bi-característica que considera o efeito de ambiente permanente, M3= Modelo bi-característica que considera o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, e M4= Modelo bi-característica que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano; DP= Desvio-padrão; σ_a^2 = variância genética aditiva; $\sigma_{c_1}^2$ = variância de ambiente permanente; $\sigma_{c_3}^2$ = variância da interação reprodutor x rebanho-ano e σ_e^2 = variância residual.

As estimativas de herdabilidade e da proporção de variância fenotípica atribuída aos efeitos de ambiente permanente e interação reprodutor x rebanho-ano, para produção de leite nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, estão na Tabela 4.

A inclusão do efeito de ambiente permanente no modelo diminuiu o valor da estimativa de herdabilidade de 0,50 para 0,13, na classe de baixo desvio-padrão e de 0,44 para 0,40 nas classes de alto desvio-padrão nos modelos 1 e 2. A inclusão da interação reprodutor x rebanho-ano no modelo aditivo não modificou os valores estimados para herdabilidade nas classes de baixo desvio-padrão e reduziu de 0,44 para 0,43 nas classes de alto desvio-padrão. Entretanto, a inclusão da interação reprodutor x rebanho-ano, no modelo de repetibilidade, causou aumento na estimativa de herdabilidade de 0,40 para 0,41 na classe de alto desvio-padrão e aumento de 0,13 para 0,49 na classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

Com exceção do modelo 2, observa-se que as estimativas de herdabilidade nas classes de baixo desvios-padrão apresentaram-se maiores que nas de alto desvio-padrão. Entretanto, Torres et al. (1999), Short et al.

(1990), Dong & Mao (1990) verificaram maiores estimativas de herdabilidade para produção de leite em bovinos da raça Holandesa nas classes de alto desvio-padrão fenotípico. Mesmo resultado foi obtido por Hill et al. (1983) trabalhando com médias de produção.

Tabela 4. Estimativas de herdabilidade (h^2), de repetibilidade (r) e das proporções da variância fenotípica atribuída aos efeitos de ambiente permanente (C^1), efeito da interação reprodutor x rebanho-ano (C^3) e ao efeito residual (e) para produção de leite em búfalas, nas classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo

Modelo	Produção de leite					
	DP	h^2	r	C^1	C^3	e
M 1	Baixo	0,50	-	-	-	0,50
	Alto	0,44	-	-	-	0,56
M 2	Baixo	0,13	0,47	0,34	-	0,53
	Alto	0,40	0,43	0,028	-	0,57
M 3	Baixo	0,50	-	-	0,0013	0,50
	Alto	0,43	-	-	0,070	0,50
M 4	Baixo	0,49	0,49	0,29E-03	0,14E-05	0,51
	Alto	0,41	0,41	0,0019	0,026	0,57

M1= Modelo bi-característica aditivo, M2= Modelo bi-característica que considera o efeito de ambiente permanente, M3= Modelo bi-característica que considera o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, e M4= Modelo bi-característica que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano; DP= desvio-padrão.

As médias, os desvios-padrão, os valores máximos, os valores mínimos e as amplitudes dos valores genéticos preditos para os animais obtidos para a produção de leite, em cada classe de desvio-padrão fenotípico, nos diferentes modelos, encontram-se na Tabela 5. As correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos preditos para as classes de desvio-padrão fenotípico encontram-se na Tabela 6.

A menor amplitude entre os valores genéticos preditos para os animais, ocorreu na classe de baixo desvio-padrão do modelo 2, e a maior na de alto desvio-padrão do modelo 1 (Tabela 5). Todavia, não houve grandes diferenças entre os quatro modelos. O modelo 4 apresentou os menores valores para média (alto desvio-padrão), enquanto que o modelo 2 apresentou o menor valor de desvio-padrão (baixo desvio-padrão).

Tabela 5. Médias dos valores genéticos preditos para os animais, desvios-padrão, valores máximos, valores mínimos e amplitudes, para produção de leite em búfalas, nas classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo

Modelos	Valores genéticos preditos					
	Média	DP	Amplitude	Mínimo	Máximo	
M1	Baixo	0,7473	205,6501	1626,9191	-626,9191	1000
	Alto	-8,2048	257,7375	1985,6784	-816,6784	1169
M2	Baixo	-2,4104	95,8084	764,5401	-321,3162	443,2239
	Alto	-8,0392	227,1585	1838,3084	-769,3084	1069
M3	Baixo	1,3008	208,6743	1633,6201	-629,6201	1004
	Alto	-5,8986	256,2330	1981,6015	-798,6015	1183,
M4	Baixo	1,9017	198,2224	1608,5117	-617,3960	991,1158
	Alto	-8,2364	241,2110	1931,7596	-794,7596	1137

M1= Modelo bi-característica aditivo, M2= Modelo bi-característica que considera o efeito de ambiente permanente, M3= Modelo bi-característica que considera o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, e M4= Modelo bi-característica que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano; DP= desvio-padrão.

Tabela 6. Coeficiente de correlação de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos preditos para produção de leite, em análise de característica simples (modelo geral) e nas classes de desvio-padrão fenotípico

Correlação de Pearson								
Modelo	M1		M2		M3		M4	
	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP
Geral	0,9405	0,9894	0,9784	0,9749	0,9463	0,9922	0,8517	0,9662
BDP		0,9214		0,9965		0,9398		0,8862

Correlação de Spearman								
Modelo	M1		M2		M3		M4	
	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP
Geral	0,9626	0,9877	0,9792	0,9771	0,9649	0,9906	0,8790	0,9632
BDP		0,9405		0,9970		0,9541		0,9167

M1= Modelo bi-característica aditivo, M2= Modelo bi-característica que considera o efeito de ambiente permanente, M3= Modelo bi-característica que considera o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, e M4= Modelo bi-característica que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano; Modelo Geral= considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano sem que haja a separação em baixo e alto desvio-padrão; BDP= baixo desvio-padrão, ADP= alto desvio-padrão.

As correlações entre as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico foram de 0,92; 0,99, 0,94 e 0,89; respectivamente para os modelos M1, M2, M3 e M4.

As correlações de Pearson e Spearman obtidas entre os dados do arquivo sem estratificação (análise geral) e os dados das classes de alto desvio-padrão foram maiores em todos os modelos quando comparados com os das classes de baixo desvio-padrão. Isso indica que os animais selecionados nos arquivos sem estratificação, provavelmente, seriam na maioria, da classe de alto desvio-padrão (Tabela 6).

As menores correlações de Pearson e Spearman foram observadas no modelo 4, entre o arquivo sem estratificação e a classe de baixo desvio-padrão, e entre as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico. Resultados diferentes foram obtidos por Costa et al. (1999), que encontraram correlações genéticas próximas a unidade para produção de leite em bovinos da raça Holandesa entre as classes de alto e baixo desvio-padrão.

De acordo com Martins (2002), quando as correlações genéticas entre as classes da fonte de heterogeneidade de variância não forem iguais à unidade, conforme verificado no presente trabalho, uma consequência adicional ocorreria porque a avaliação genética tenderia a indicar como superiores os genótipos cuja capacidade adaptativa fosse mais estável, o que não significa, obrigatoriamente, que tais genótipos sejam superiores em todos os ambientes.

Houve grande alteração no ordenamento dos animais com base nos valores genéticos preditos, quando se utilizou as classes de baixo desvio-padrão nos quatro modelos estudados. Ao se comparar os 20 melhores animais observa-se que 45% nas classes de baixo desvio-padrão e que 80% foram comuns nas classes alto desvio-padrão (Tabela 7). E variou de 0,45 a 0,90 quando se comparou baixo e alto desvio-padrão dos modelos 2 e 3, respectivamente.

Ao comparar os vinte melhores animais do modelo com a interação reprodutor x rebanho-ano, sem estratificação ao modelo 1, observa-se que 60% deles são comuns aos de baixo desvio-padrão e 85% deles são comuns aos de alto desvio-padrão (Tabela 8). Estes resultados confirmam os valores obtidos nas correlações de Pearson e de Spearman (Tabela 6).

Tabela 7. Valores genéticos dos vinte melhores animais nos modelos M1, M2, M3 e M4

Modelo 1				Modelo 2				Modelo 3				Modelo 4			
IA	BDP	IA	ADP	IA	BDP	IA	ADP	IA	BDP	IA	ADP	IA	BDP	IA	ADP
535	1000,379	145	1168,944	145	443,224	145	1068,893	535	991,116	145	1137,354	535	1004,493	145	1183,445
763	854,444	417	1077,823	417	403,830	417	1013,596	763	843,524	417	1035,894	763	858,005	417	1048,608
145	790,902	535	951,610	648	353,962	648	862,032	145	742,122	648	891,726	145	826,990	535	980,187
494	680,391	648	926,125	158	336,172	830	821,172	494	683,855	535	838,190	494	675,775	648	942,754
708	640,527	830	863,203	830	324,581	158	783,019	708	620,164	158	831,005	158	667,215	158	868,506
158	640,304	158	850,996	633	302,435	633	741,661	158	609,452	830	822,429	708	643,662	830	828,209
648	577,676	633	783,306	707	288,661	780	697,722	231	544,719	633	747,572	648	616,059	707	782,564
417	550,148	707	741,468	780	273,739	707	690,776	495	527,473	707	729,545	417	576,777	763	761,791
231	545,744	708	737,029	778	267,203	778	681,851	648	526,093	780	701,529	231	546,231	633	761,626
495	531,123	780	727,820	535	267,106	88	612,312	546	517,634	778	667,810	495	532,945	708	732,683
546	527,893	763	720,881	533	255,386	533	606,225	563	511,945	708	666,036	546	528,760	780	720,628
563	519,272	778	708,222	156	248,921	156	605,156	92	503,022	372	653,436	707	521,879	372	700,401
92	517,746	372	678,952	638	245,760	372	596,223	456	499,921	156	645,274	563	521,364	156	683,469
694	504,645	156	660,832	372	241,073	638	590,569	694	497,176	763	626,571	92	513,309	778	665,125
456	503,414	533	655,573	599	232,359	829	579,141	417	485,015	533	621,854	694	507,867	599	658,519
533	499,652	638	638,725	708	231,279	535	574,734	533	471,097	599	591,808	456	507,482	533	638,262
707	476,513	599	600,822	88	224,949	781	572,910	540	465,671	88	581,095	533	500,198	135	607,088
540	469,664	829	596,964	829	224,902	498	559,690	707	454,742	638	577,973	599	489,742	412	591,993
633	452,639	88	592,100	781	222,336	599	546,123	454	442,162	781	577,196	372	473,813	638	582,772
372	446,695	781	589,189	763	219,646	698	535,413	550	429,667	829	565,279	540	470,489	781	581,050

IA= Identificação do animal; M1= Modelo bi-característica aditivo, M2= Modelo bi-característica que considera o efeito de ambiente permanente, M3= Modelo bi-característica que considera o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, e M4= Modelo bi-característica que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano; BDP= baixo desvio-padrão, ADP= alto desvio-padrão.

Tabela 8. Valores genéticos dos vinte melhores animais em análise de característica simples (modelo geral) e nas classes de desvio-padrão fenotípico

Modelo geral		Modelo 1			
Animais	VG	Animal	BDP	Animal	ADP
145	1196,1992	535	1000,379	145	1168,944
417	1096,9180	763	854,444	417	1077,823
648	932,1694	145	790,902	535	951,610
535	916,5317	494	680,391	648	926,125
158	866,8978	708	640,527	830	863,203
830	829,171	158	640,304	158	850,996
763	804,7764	648	577,676	633	783,306
633	789,3455	417	550,148	707	741,468
707	729,1452	231	545,744	708	737,029
372	704,5528	495	531,123	780	727,820
780	692,3846	546	527,893	763	720,881
533	681,6568	563	519,272	778	708,222
778	670,212	92	517,746	372	678,952
156	666,6511	694	504,645	156	660,832
708	654,5938	456	503,414	533	655,573
638	650,6326	533	499,652	638	638,725
599	647,1096	707	476,513	599	600,822
135	615,8406	540	469,664	829	596,964
494	594,1671	633	452,639	88	592,100
276	589,1460	372	446,695	781	589,189

VG= valor genético; M1= Modelo bi-característica aditivo, e Modelo geral= considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano sem que haja a separação em baixo e alto desvio-padrão.

CONCLUSÕES

Ao selecionar animais sem considerar a heterogeneidade de variância, haveria tendência de favorecer animais que pertençam a rebanhos de alta variância em detrimento aos de menor variabilidade fenotípica.

A estratificação dos rebanhos de búfalos para a característica produção de leite em classes de alto e baixo desvio-padrão fenotípico corrigiu para a heterogeneidade de variância. Se for feita a estratificação do rebanho pelo nível de produção, na avaliação genética seria recomendado o uso de um modelo mais simples (apenas efeito aditivo). Caso não seja feita a estratificação dos rebanhos seria necessário utilizar um modelo mais completo (efeitos aditivo, permanente e da interação reprodutor x rebanho-ano).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, C. V. de. *Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa*. Viçosa, MG: UFV, 2000. 80 p. **Dissertação (Mestrado em Zootecnia)** – Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., VAN VLECK, L. D., VAN TASSELL, C. P., KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture / Agriculture Research Service, 1995.
- 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, p.503-512, 1990.
- COSTA, C. N. Interação genótipo x ambiente em gado de leite. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1, 1999, Viçosa. **Anais ...Viçosa: UFV, 1999**. p.161-191.
- DONG, M.C., 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, p. 843-851. 1990.
- FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. **American Nature**, v. 86, n. 830, p. 293-298, 1952.
- GIANOLA, D. Selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theoretical Applied Genetic**, v. 72, n. 5, p. 671-677, 1986.
- 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, p. 59-68, 1983.
- MARTINS, E. N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: Ângela Maria Vieira Batista; Severino Benone Paes Barbosa; Mércia Virginia Ferreira dos Santos; Lúcia Maia Cavalcanti Ferreira. (Org.). **In: Palestras da XXXIX Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**. Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002, p. 205-214.
- 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.
- SHORT, T. H., BLAKE, R. W., QUAAS, R. L., VAN VLECK, L. D. Heterogeneous within-herd variance: 1 - Genetic parameters for first and second lactation milk yield of grade Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n.11, p.3312-3320, 1990.
- VINSON, W. E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. **Journal of Dairy Science**, v.70, n.9, p.2450-2455, 1987.

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.

TORRES, R. A., BERGMANN, J. A. G, COSTA, C. N., PEREIRA, C. S., VALENTE, J., PENNA, V. M., TORRES FILHO, R. A. Ajustamento de variâncias para a produção de leite entre rebanhos da raça holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 2, p. 295-303, 1999.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)