



Acta Scientiarum. Animal Sciences

ISSN: 1806-2636

eduem@uem.br

Universidade Estadual de Maringá
Brasil

Vieira de Araújo, Cláudio; Amaral Resende, Gisele Socorro; Inoe Araújo, Simone; Palma Rennó,
Francisco; Inoe Tomazini, Ana Paula; Ribamar Felipe Marques, José
Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça Pardo Suíço, utilizando-se inferência
Bayesiana

Acta Scientiarum. Animal Sciences, vol. 31, núm. 2, 2009, pp. 205-211
Universidade Estadual de Maringá
.png, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=303126496015>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça Pardo Suíço, utilizando-se inferência Bayesiana

Cláudio Vieira de Araújo^{*}, Gisele Socorro Amaral Resende, Simone Inoe Araújo, Francisco Palma Rennó, Ana Paula Inoe Tomazini e José Ribamar Felipe Marques

*Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal de Mato Grosso, Av. Alexandre Ferronato, 1200, 78557-267, Setor Industrial, Sinop, Mato Grosso, Brasil. *Autor para correspondência. E-mail: araujocv@bol.com.br*

RESUMO. Informações de 2.981 lactações referentes às primeiras lactações de vacas da raça Pardo-Suíça, filhas de 151 reprodutores, distribuídas em 62 rebanhos, com parições entre 1980 a 2002, foram utilizadas para se verificar a existência da heterogeneidade de variância entre rebanhos e o seu impacto na classificação de reprodutores. As produções de leite foram utilizadas para se classificar os rebanhos em níveis de alta e baixa produção. Utilizou-se um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de rebanho-ano e estação de parto, efeito linear do período de lactação, linear e quadrático da idade da vaca ao parto, como covariáveis, além dos efeitos aleatórios de animal e ambiente temporário. Estimaram-se componentes de variância, considerando-se os rebanhos como uma única amostra e assumindo-se a produção de leite em cada nível de produção como característica diferente. Médias e componentes de variância foram maiores para o nível de alta produção, caracterizando a presença de heterogeneidade de variância entre os rebanhos. As estimativas de herdabilidade foram de 0,21 em ambos os níveis para a produção de leite e de 0,25 e 0,26 para os níveis de alta e baixa produção, respectivamente. As correlações genéticas entre os níveis foram de 0,48, indicando a presença de heterogeneidade de variâncias. Correlações de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores preditos em análise conjunta com o nível de alta produção foram altas, enquanto que correlações baixas foram observadas para o nível de produção baixo, para os 10, 20 e 30% dos melhores reprodutores. Reproductores com proles em rebanhos mais variáveis estariam sendo melhores classificados na avaliação genética, quando se desconsidera a heterogeneidade de variância.

Palavras-chave: avaliação genética, heterogeneidade, bovinos leiteiros, parâmetros genéticos.

ABSTRACT. Genotype-environment interaction in Brown Swiss dairy cattle. Data from 2,981 first lactation records of Brown Swiss cows, daughters of 151 sires, from 62 herds, calving from 1980 to 2002 were used to evaluate the effects of heterogeneity of variance on genetic evaluation of bulls. The milk yields were used to classify the herds among high and low production level. An animal model used to estimate variance component, included the fixed effect of herds-year, calving season, linear effect of length lactation, linear and quadratic effect of cow age, random effects of animal and temporary environment. Variance components were estimated to milk yield in both levels, considering the milk yield in each production level as a different trait. Estimates of heritability were 0.21 in both levels for milk production and 0.25 and 0.26 for the levels of high and low production, respectively. The genetic correlation between high and low production levels was equal to 0.48. These results showed the presence of heterogeneity of variance. Spearman correlations in breeding values of sires predicted in joint analysis with values in high and low production level were higher; otherwise, the spearman correlations were lower to 10, 20 and 30% of the best sires of the rank. Sires with daughters in more changeable herds would be better ranked in the genetic evaluation, when the heterogeneity of variance is not considered.

Key words: genetic evaluation, heterogeneity, dairy cattle, genetic parameters.

Introdução

A possibilidade de existência da interação genótipo x ambiente e seu efeito sobre a seleção dos animais não é novidade para os melhoristas. Lush (1945) recomendou que os animais fossem avaliados nos ambientes em que seriam utilizados. Por outro

lado, visando maximizar o progresso genético, Hammond (1947) recomendou que a seleção fosse praticada em ambientes melhores, pela maior expressão dos genes de interesse.

Em face das evidências sobre a interação genótipo x ambiente, Falconer (1952) introduziu o

conceito de correlação genética entre as manifestações fenotípicas da mesma característica em ambientes diferentes. Se a correlação da mesma característica, expressa em diferentes ambientes, for próxima da unidade, então os mesmos grupos gênicos atuam de mesma forma em diferentes ambientes, caso contrário, é indício da interação genótipo x ambiente. Robertson et al. (1960) identificaram a necessidade de se detectar se a herdabilidade diferia entre os ambientes e se a classificação dos touros seria influenciada. Nessa situação, a causa da interação genótipo x ambiente seria em função da presença da heterogeneidade de variâncias.

A heterogeneidade de variância é uma forma primária da interação genótipo x ambiente. A presença de heterogeneidade de variâncias para a produção de leite pode comprometer o resultado final do processo de seleção, visto que, se a fonte dessa heterogeneidade for por fatores ambientais, a seleção será realizada mais em função do ambiente do que propriamente do genótipo. Assim, a preocupação com a existência da heterogeneidade de variâncias genética ou residual, para características de interesse econômico, tem sido foco em vários estudos, a exemplo de Hill et al. (1983), Famula e Van Vleck (1981), Boldman e Freeman (1990), Costa (1999), Torres et al. (2000) e Falcão et al. (2006).

Em um estudo em que são utilizados dados simulados, Carneiro et al. (2006) observaram que a heterogeneidade entre rebanhos para parâmetros como as variâncias genética e fenotípica e a média fenotípica não afetou a avaliação genética dos animais. Entretanto, a presença de médias genéticas diferentes entre rebanhos afeta a acurácia da predição dos valores genéticos de touros e, principalmente, de vacas e touros jovens, acarretando grandes erros na classificação dos animais geneticamente superiores. Quanto à presença de heterogeneidade para média genética, a conexidade genética entre rebanhos melhorou a predição dos valores genéticos de touros, porém, os erros na classificação de vacas e touros jovens ainda permaneceram altos.

Analizando o efeito da heterogeneidade de variância sobre a avaliação genética de vacas e touros da raça Holandesa criados no Brasil, Torres et al. (2000) observaram maiores médias de produções de leite nas classes de maior desvio-padrão fenotípico e aumento dos valores de estimativas de componentes de variância genética, residual e fenotípica com o aumento do desvio-padrão da classe. Ao investigar a heterogeneidade de variância para produções de leite e gordura em vacas da raça Holandesa, utilizando registros de primeira lactação, ajustada para 305 dias e para idade adulta, Costa (1999) encontrou

herdabilidade para produção de leite dos rebanhos pertencentes à classe de alto desvio-padrão fenotípico inferior à estimada para os rebanhos de classe de baixo desvio-padrão (0,22 e 0,30, respectivamente).

Falcão et al. (2008) verificaram baixas magnitudes das correlações genéticas e a existência de heterogeneidade de variância entre estados como indicativos de interação genótipo x ambiente significativa, demonstrando a necessidade de se considerar a interação genótipo x ambiente nas avaliações genéticas.

O objetivo deste estudo foi avaliar a presença de heterogeneidade de variância, bem como, o seu impacto sobre a avaliação genética de reprodutores para a produção de leite na raça Pardo-Suíço, utilizando a inferência bayesiana.

Material e métodos

Foram utilizados 2.981 registros referentes à produção de leite de primeira lactação de vacas da raça Pardo-Suíça, filhas de 151 reprodutores, distribuídos em 62 rebanhos, distribuídos nas regiões Centro-oeste, Sul e, principalmente, Sudeste do Brasil. Os registros são provenientes do serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira de Criadores de Gado Pardo Suíço, com os partos ocorridos entre os anos de 1980 a 2002. Os registros foram agrupados em quatro épocas, segundo o mês de parto: janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro.

Foi gerado, também, um arquivo de *pedigree*, utilizado em todas as análises, com a identificação de animal, pai e mãe, resultando em 17.664 indivíduos diferentes identificados na matriz de parentesco.

Com o objetivo de se verificar a presença de heterogeneidade de variância entre rebanhos, os dados foram estratificados em duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite. Os desvios-padrão fenotípicos foram usados para se classificar os rebanhos da seguinte forma: 1) baixo desvio-padrão, formado por rebanhos que apresentavam desvio-padrão fenotípico igual ou inferior a 1.500 kg e, 2) alto desvio-padrão, em que foram englobados todos os rebanhos com desvio-padrão fenotípico superiores a 1.500 kg. Assim, os dados foram analisados em duas situações, na primeira se desconsideraram as classes de desvio-padrão fenotípico, na qual se obtiveram os componentes de variância e valores genéticos dos animais para a produção de leite. Na segunda situação, os dados foram analisados, considerando-se a produção de leite em cada classe de desvio-padrão fenotípico como características distintas, obtendo-se

componentes de (co)variâncias e valores genéticos em cada classe.

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

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

em que:

y : é um vetor ($n \times 1$) de observações da produção de leite;

X : é uma matriz ($n \times f$) de incidência de f níveis dos efeitos fixos;

β : é um vetor ($f \times 1$) de efeitos fixos referentes às classes de rebanho-ano e época de parto, efeito linear da duração da lactação e efeito linear e quadrático da idade da vaca ao parto, como covariáveis;

Z : é uma matriz ($n \times N$) de incidência dos valores genéticos;

a : é um vetor ($N \times 1$) de valores genéticos dos animais;

e : é um vetor de resíduos da mesma dimensão de y , sendo N o número de indivíduos e n o número total de observações.

As pressuposições acerca da distribuição dos vetores y , a , e e podem ser descritas como

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim \begin{Bmatrix} \begin{bmatrix} X\beta \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ' + R & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ \phi & R & \phi \end{bmatrix} \end{Bmatrix}$$

em que:

$G = A\sigma_a^2$ e $R = I_n \sigma_e^2$, sendo A a matriz de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número de indivíduos (N);

σ_a^2 : a variância genética aditiva para produção de leite;

I_N : a matriz identidade, de ordem N e σ_e^2 a variância residual.

Admitiram-se os vetores y , a e e com distribuição normal multivariada. Densidade *a priori* plana foi assumida para os elementos de β , por refletir a falta de conhecimento sobre os parâmetros de locação de efeitos 'fixos'. Para os valores genéticos, foram assumidas distribuições *a priori* normal multivariada e para os componentes de variância foi assumida distribuição de qui-quadrado invertida.

Posteriormente, analisou-se a produção de leite em cada classe de desvio-padrão como uma característica distinta, e, levando-se em conta a

distribuição conjunta das características, empregou-se o modelo $y = X\beta + Za + e$, sendo

$$\begin{aligned} y &= \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} \\ X &= \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \\ \beta &= \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} \\ Z &= \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \\ a &= \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} \\ e &= \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \end{aligned}$$

em que:

y_1 e y_2 : produção de leite na primeira lactação nas classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos, respectivamente;

X_i : é a matriz $n_i \times f$, de incidência de níveis dos efeitos fixos na classe de desvio-padrão i ; β_i é o vetor $f \times 1$, de efeitos fixos na classe de desvio-padrão i ;

Z_i : é a matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos valores genéticos na classe de desvio-padrão i ;

a_i : é um vetor $N_i \times 1$, de valores genéticos de cada animal na classe de desvio-padrão i e e_i é um vetor de resíduos na classe de desvio-padrão i , da mesma dimensão de y_i .

Foram geradas cadeias de 1.200.000 ciclos, com período de descarte de 200.000 e frequência de amostragem de 250 ciclos. A análise utilizou a inferência Bayesiana, por meio de amostrador de Gibbs, utilizando o aplicativo MTGSAM (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1995).

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

Resultados e discussão

As médias e desvios-padrão por classe de desvio-padrão e em análise conjunta, para a produção de leite, são exibidos na Tabela 1. Verifica-se aumento

da média com o aumento do desvio-padrão, sendo que as estimativas de média e desvio-padrão na classe de maior desvio-padrão aproximaram-se mais das estimativas obtidas em análise conjunta. Resultado semelhante foi observado por Araújo et al. (2001) e Bueno et al. (2007) e contrários aos obtidos por Weber et al. (2005) os quais verificaram que o aumento da média não promoveu o aumento do desvio-padrão.

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

Table 1. Estimates of means, standard deviation, coefficient of variation and number of observations for milk production in each class of standard deviation and joint analysis.

Parâmetros Parameters	Baixo <i>Low</i>	Alto <i>High</i>	Geral <i>General</i>
Média <i>Means</i>	4844,37	5802,02	5373,47
Desvio-padrão <i>Standard Deviation</i>	1.592,99	1.929,96	1.849,13
Número de observações <i>Number of records</i>	1.334	1.647	2.981
Número de rebanhos <i>Number of herds</i>	32	30	62

As estimativas dos componentes de variância para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e na conjunta são mostradas na Tabela 2. Pode-se observar que houve aumento das variâncias com o aumento do desvio-padrão na classe. Avaliando-se o intervalo de credibilidade para os componentes de variância genética e residual, nos níveis de baixo e alto desvio-padrão, verifica-se que as variâncias são heterogêneas. Comparando-se os componentes de variâncias estimados nas classes de desvios-padrão com a estimativa obtida na análise conjunta, observa-se que a variância genética aditiva na análise conjunta diferiu daquelas obtidas nas classes de desvio-padrão, porém sendo mais próxima da estimativa observada na classe de baixo desvio-padrão. Por outro lado, o componente de variância residual na análise conjunta foi mais próximo do valor obtido na classe de alto desvio-padrão.

Aumento nas estimativas de componentes de variância genética e residual, à medida que o nível de produção dos rebanhos aumenta, foi também observado por Hill et al. (1983), Marion et al. (2001) e Elmer et al. (2008).

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

Tabela 2. Médias posteriores e intervalo de 95% de credibilidade de componentes de variância genética aditiva (σ_{al}^2) e residual (σ_{el}^2) para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise conjunta.

Table 2. Means posterior and 95% posterior probability intervals and subsequent components of additive genetic variance (σ_{al}^2) and residual (σ_{el}^2) in the milk yield in each class of standard deviation, and in the joint analysis.

Média <i>Means</i>	Erro-padrão <i>Standard Error</i>	Desvio-padrão <i>Standard deviation</i>	Intervalo de Credibilidade <i>Credibility Interval</i>	
			Limite Inferior <i>Lower Limit</i>	Limite Superior <i>Upper Limit</i>
Classe de baixo desvio-padrão <i>Standard Deviations Class</i>				
σ_{al}^2	234.845,78	607,54	57.636,48	233.654,86 236.036,70
σ_{el}^2	647.170,70	520,54	49.382,82	646.150,33 648.191,08
Classe de alto desvio-padrão <i>Standard Deviation Class</i>				
σ_{a2}^2	389.616,20	921,49	87.420,97	387.809,86 391.422,55
σ_{c2}^2	1.130.026,40	789,66	749.14,10	1.128.478,48 1.131.574,33
σ_{al2}	121.505,07	613,98	58.247,98	120.301,51 122.708,62
Análise conjunta <i>Joint analysis</i>				
σ_a^2	275.788,49	804,37	50.872,96	274.211,47 277.365,51
σ_e^2	983.253,66	715,17	45.231,45	981.851,53 984.655,80

σ_{al}^2 e σ_{a2}^2 são componentes de variância genética aditiva nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente; σ_{el}^2 e σ_{c2}^2 são componentes de variância residual nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente; σ_{al2} é a covariância genética aditiva entre as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico.

σ_{al}^2 and σ_{a2}^2 are components of genetic additive variance in the classes of low and high phenotypic standard deviation, respectively; σ_{el}^2 and σ_{c2}^2 are components of residual variance in the classes of low and high phenotypic standard deviation, respectively; σ_{al2} is the additive genetic covariance between classes low and high phenotypic standard deviation, respectively.

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

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

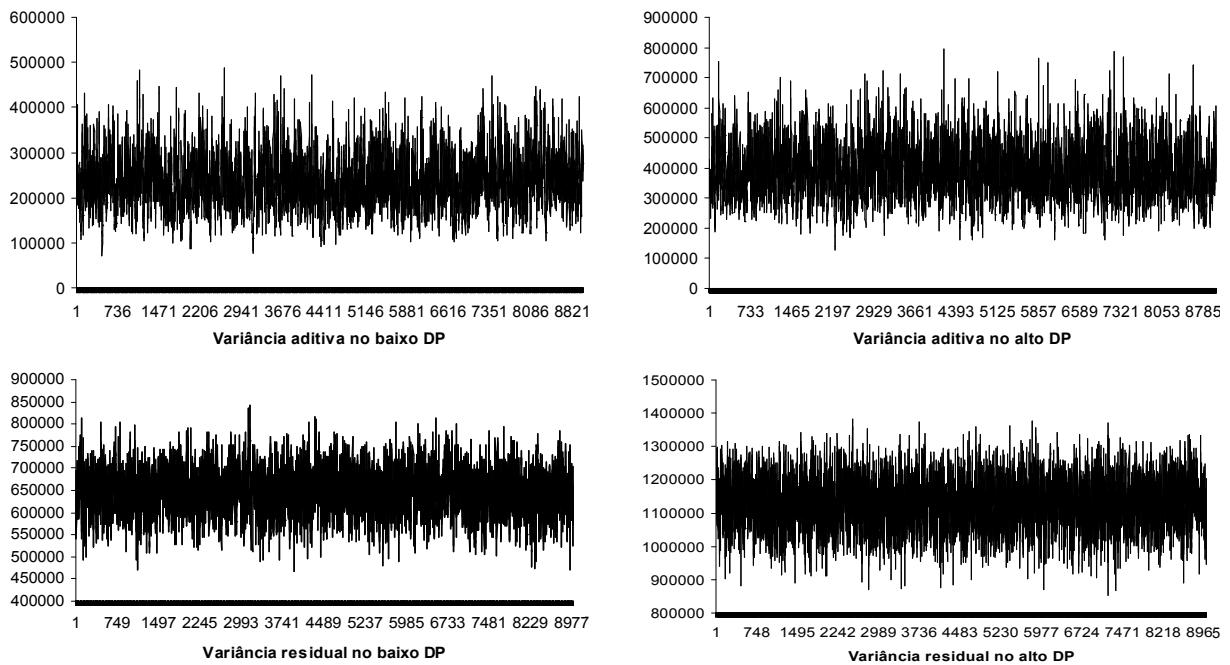


Figura 1. Histórico das iterações das médias posteriores de componentes de variâncias para produção de leite (kg) para vacas da raça Pardo-Suíça do Brasil, nos extratos de baixo e alto desvios-padrão.

Figure 1. Trace plots for the posterior means of components of variances for milk yield (kg) for cows Brown Swiss breed, in extracts of low and high standard deviation.

Tabela 3. Médias posteriores e intervalo de 95% de credibilidade das estimativas de herdabilidade para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e em análise conjunta.

Table 3. Means posterior and 95% posterior probability intervals of the heritability estimates for the milk yield in each class of standard deviation, and in the joint analysis.

Classe de Desvio-Média Padrão <i>Standard Deviation Class</i>	Means Padrão <i>Standard Error</i>	Erro- Padrão <i>Standard Deviation</i>	Intervalo de Credibilidade <i>Credibility Interval</i>		
			Desvio- Padrão <i>Standard Deviation</i>	Limite Inferior <i>Lower Limit</i>	Limite Superior <i>Upper Limit</i>
				Desvio- Padrão <i>Standard Deviation</i>	Desvio- Padrão <i>Standard Deviation</i>
Baixo <i>Low</i>	0,26	0,0006	0,0595	0,2640	0,2665
Alto <i>High</i>	0,25	0,0005	0,0525	0,2545	0,2566
Conjunta <i>General</i>	0,21	0,0005	0,0375	0,2174	0,2198

Hill et al. (1983), Dong e Mao (1990) e Araújo et al. (2001), ao estudarem registros de vacas Holandesas, encontraram aumento nas herdabilidades com o aumento no nível de produção dos rebanhos. Bueno et al. (2007) observaram estimativas de herdabilidade ligeiramente maiores na classe de alto desvio-padrão fenotípico (0,37), quando comparado à classe de baixo desvio-padrão (0,35), pelo aumento da variância genética aditiva em relação ao aumento da variância residual, da classe de baixo para a classe de alto desvio-padrão fenotípico. Maiores estimativas de herdabilidade que ocorrem na classe de médio desvio-padrão fenotípico foram observadas por Short et al. (1990), Torres et al. (2000) e Marion et al. (2001).

O baixo valor da correlação genética entre as produções nos níveis de alto e baixo desvio-padrão (0,48) indica que os animais devem ser classificados de forma diferente em cada classe de desvio-padrão, confirmando-se a presença de heterogeneidade de variâncias. Boldman e Freeman (1990), Torres et al. (2000) e Costa (1999) encontraram resultados de correlação genética maiores que 0,90, estudando a mesma característica em classes de grupos de rebanhos diferentes. Por outro lado, Araújo et al. (2008), analisando lactações de bubalinos leiteiros da raça Murrah, estimaram correlação genética entre os níveis de produção igual a 0,58, indicando que os reprodutores foram selecionados em razão do ambiente mais variável em que suas progêniens são criadas, do que propriamente pelos seus próprios méritos genéticos.

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

quando submetidos aos rebanhos da classe de menor desvio-padrão, em relação à situação em que a seleção dos animais nessa mesma classe é praticada diretamente.

Dos 151 reprodutores avaliados, 92 continham informação de desempenho de proles em ambos os extratos. Na Tabela 4, podem-se observar as médias posteriores de valores genéticos para a produção de leite em cada classe de desvio-padrão e, em análise conjunta, para todos os reprodutores com proles com produção e para 10, 20 e 30% de reprodutores melhores classificados com base em seu mérito genético (deca 1, deca 2 e deca 3, respectivamente). Menor amplitude de valores genéticos é observada na classe de baixo desvio-padrão, enquanto que, na classe de alto desvio-padrão, os valores genéticos apresentaram maior variabilidade, como resultado da maior variabilidade genética aditiva.

Tabela 4. Médias e correlações de Spearman (acima da diagonal) e Pearson (abaixo da diagonal) entre valores genéticos preditos nas classes baixo(VGB) e alto (VGA) desvio-padrão e em análise geral (VGG).

Table 4. Means and Spearman's correlations (above the diagonal) and Pearson (below the diagonal) between breeding values predicted in classes low (VGB) and high (VGA) standard deviation and analysis in general (VGG).

Valor Genético Breeding Value	Média Means	Mínimo Minimum	Máximo Maximum	Correlação es Correlations		
N = 151 (100%)			VGG	VGB	VGA	
VGG	8,82	-683,04	1163,00	1,00	0,83	0,94
VGB	13,13	-708,82	723,279	0,84	1,00	0,68
VGA	8,63	-744,21	1216,00	0,93	0,69	1,00
N = 15 (10%) – Deca 1						
N = 15 (10%) –10% better						
VGG	626,02	434,33	1163,00	1,00	0,15	0,90
VGB	446,33	-14,61	723,279	0,10	1,00	-0,21
VGA	644,75	217,84	1216,00	0,91	-0,07	1,00
N = 30 (20%) – Deca 2						
N = 30 (20%) –20% better						
VGG	461,29	223,77	1163,00	1,00	0,51	0,93
VGB	332,11	-14,61	723,279	0,57	1,00	0,25
VGA	442,64	104,23	1216,00	0,84	0,25	1,00
N=45 (30%)– Deca 3						
N=45 (30%) –30% better						
VGG	369,31	147,62	1163,00	1,00	0,64	0,93
VGB	257,77	-76,93	723,279	0,65	1,00	0,37
VGA	351,93	-70,69	1216,00	0,80	0,28	1,00

As correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos para a produção de leite obtidos na análise conjunta, com os valores obtidos em cada classe de desvio-padrão, foram todas maiores que 0,80, quando foram considerados todos os reprodutores. Porém, refinando-se a amostra de reprodutores, quando se correlacionam os valores genéticos entre as classes de desvio-padrão e em análise conjunta, verifica-se que, na deca 1, deca 2 e deca 3, as correlações diminuem em magnitude e que os valores genéticos obtidos na classe de alto desvio-padrão se correlacionaram fortemente com os valores genéticos obtidos em análise conjunta.

Por outro lado, quanto maior a intensidade de seleção, menor é a correlação entre os valores genéticos obtidos na classe de baixo desvio-padrão, com aqueles obtidos nas demais situações. Assim, rebanhos mais variáveis contribuem com maior participação na predição de valores genéticos, na situação em que se despreza a presença de heterogeneidade de variâncias. Sendo essa em função de variabilidade genética aditiva, a seleção ainda considera os melhores genótipos. Em uma situação em que a presença de heterogeneidade de variância fosse decorrente de fatores não-genéticos, a seleção para os animais, sem se considerar a heterogeneidade de variâncias, seria em função do melhor ambiente e não do melhor genótipo.

Torres et al. (2000) verificaram que as correlações entre os valores genéticos para as classes de baixo, médio e alto desvios-padrão, considerando como diferentes a expressão da característica nas três classes e os padrões obtidos na análise que considerou todas as classes como única característica, foram próximas à unidade. Entretanto, os reprodutores apresentaram maiores valores genéticos em rebanhos das classes de alto desvio-padrão, evidenciando ser importante considerar a variabilidade entre rebanhos, pois, sob seleção, as classes mais variáveis contribuiriam com a maior parte dos animais e a avaliação genética do animal poderia ser função não apenas do seu potencial genético, mas também do ambiente no qual suas progêniens expressaram a característica.

Conclusão

Existe heterogeneidade de variância para produção de leite de vacas da raça Pardo-Suíça e constata-se que seu impacto sobre a avaliação genética de reprodutores consiste em promover falhas na mesma, visto que reprodutores com proles em rebanhos mais variáveis estariam sendo melhores classificados na avaliação genética, quando se desconsidera a heterogeneidade de variância.

Referências

- ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; COSTA, C. N.; LOPES, P. S.; PEREIRA, C. S.; EUCLYDES, R. F.; FILHO, R. A. T. Interação Reprodutor x Rebanho na Produção de Leite da Raça Holandesa no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 30, n. 3, p. 992-999, 2001. Suplemento 1.
- ARAÚJO, C. V.; CARDOSO, A. M. C.; RAMOS, A. A.; ARAÚJO, S. I.; MARQUES, J. R. F.; TOMAZINI, A. P. I.; CHAVES, L. C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah mediante inferência Bayesiana. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, v. 9, n. 3, p. 416-425, 2008.

- BOLDMAN, K. G.; FREEMAN, A. E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, v. 73, n. 2, p. 503-512, 1990.
- BUENO, R. S.; TORRES, R. A.; RENNÓ, F. P.; PEREIRA, J. C.; ARAÚJO, C. V.; LOPES, P. S.; EUCLYDES, R. F. Ajustamento para heterogeneidade de variância para produção de leite e gordura entre rebanhos da raça Pardo-Suiça no Brasil. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 59, n. 2, p. 484-487, 2007.
- CARNEIRO, A. P. S.; TORRES, R. A.; LOPES, P. S.; EUCLYDES, R. F.; CARNEIRO, P. L. S.; CUNHA, E. E. Erros na classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente superiores avaliados na presença de heterogeneidade. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 35, n. 5, p. 1907-1914, 2006.
- COSTA, C. N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in Brazilian herd environments. *Genetics and Molecular Biology*, v. 22, n. 3, p. 375-381, 1999.
- DONG, M. C.; MAO, I. L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. *Journal of Animal Science*, v. 73, n. 4, p. 843-851, 1990.
- ELMER, F. V.; RAMOS, T. A.; WESCHLER, F. S.; FALCÃO, A. J. S.; MUNAR, D. P. Detecção e caracterização da heterogeneidade de variância na produção de leite de bovinos da Raça Holandesa. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 3, n. 4, p. 381-385, 2008.
- FALCÃO, A. J. S.; MARTINS, E. N.; COSTA, C. N.; SAKAGUTI, E. S.; MAZUCHELI, J. Heterocedasticidade entre Estados para Produção de Leite de Vacas da Raça Holandesa, usando métodos Bayesianos via Amostrador de Gibbs. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 35, n. 2, p. 405-414, 2006.
- FALCÃO, A. J. S.; MARTINS, E. N.; COSTA, C. N.; MAZUCHELI, J. Interação genótipo-ambiente na produção de leite de vacas da raça ambiente na produção de leite de vacas da Holandesa. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, v. 30, n. 2, p. 225-231, 2008.
- FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. *The American Naturalist*, v. 86, n. 830, p. 293-298, 1952.
- FAMULA, T. R., VAN VLECK, L. D. Sire evaluation by only extended partial milk and fat records. *Journal of Dairy Science*, v. 64, n. 3, p. 484-490, 1981.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. *Biology Revision*, v. 22, n. 2, p. 195-213, 1947.
- HILL, W. G.; EDWARDS, M. R.; AHMED, M. K. A. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Animal Production*, v. 36, n. 1, p. 59-68, 1983.
- LUSH, J. L. *Animal breeding plans*. Ames: Iowa State College, 1945.
- MARION, A. E.; RORATO, P. R. N.; FERREIRA, G. B.; EVERLIN, G. D. M.; FERNADES, H. D. Estudo da heterogeneidade das variâncias para as características produtivas de rebanhos da raça holandesa no Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 30, n. 6, p. 1995-2001, 2001.
- ROBERTSON, A.; O'CONNOR, L. K.; EDWARDS, J. Progeny testing dairy bulls at different management levels. *Animal Production*, v. 2, n. 2, p. 141-152, 1960.
- SHORT, T. H.; BLAKE, R. W.; QUAAS, R. L. Heterogeneous within-herd variance. 1 - Genetic parameters for first and second lactation milk yields of grade Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, v. 73, n. 11, p. 3312-3320, 1990.
- TORRES, R. A.; BERGMANN, J. A. G.; COSTA, C. N.; PEREIRA, C. S.; VALENTE, J.; PENNA, V. M.; FILHO, R. A. T.; ARAÚJO, C. V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 29, n. 4, p. 1050-1059, 2000.
- WEBER, T.; RORATO, P. R. N.; FERREIRA, G. B. B. F.; BOLIGON, A. A.; GHELLER, D. G.; GUTERRES, L. W. Coeficientes de herdabilidade e correlações genéticas para as produções de leite e de gordura, em diferentes níveis de produção, para raça holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 34, n. 2, p. 514-519, 2005.
- VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, D. L. *A manual for use of MTGSAM*: a set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]. Lincoln: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995.

Received on September 23, 2008.

Accepted on June 17, 2009.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.