

LUANE DA SILVA FERNANDES

**Heterogeneidade de variância e parâmetros genéticos para produção de leite em
bovinos, mediante inferência bayesiana**

Cuiabá
2018

LUANE DA SILVA FERNANDES

Heterogeneidade de variância e parâmetros genéticos para produção de leite em bovinos, mediante inferência bayesiana

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal de Mato Grosso para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Área de Concentração: Melhoramento Genético Animal

Orientador: Prof. Dr. Cláudio Vieira de Araújo

Coorientador: Prof. Dr. Felipe Gomes da Silva

Coorientador: Dr. Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva

Cuiabá
2018

Á Deus por me dar forças para alcançar meus objetivos e mostra-se presente em minha vida sempre.

Aos meus irmãos Ruan e Renan que eu amo tanto e torcem pelo meu sucesso.

Aos meus Pais Erlindo e Domingas que sempre se esforçaram para proporcionar o melhor aos filhos e que amo infinitamente.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus por estar sempre presente em minha vida, me protegendo e dando-me forças para alcançar meus objetivos.

Ao meu pai por todo amor e carinho, ele que fez de tudo para proporcionar aos filhos condições de realizar seus sonhos e pelos conselhos preciosos.

À minha mãe pela sua garra, amor, dedicação aos filhos e pelos ensinamentos que levarei para a vida.

À meus irmãos, por todos momentos e todo amor compartilhado.

À Universidade Federal de Mato Grosso pela incrível experiência acadêmica e pelas oportunidades proporcionadas.

Ao meu orientador, professor Dr. Cláudio Vieira de Araújo pela confiança e apoio a mim depositados.

Ao meu coorientador professor Dr. Felipe Gomes da Silva, pelos incríveis ensinamentos desde a graduação, pelos conselhos e por sempre ter me ajudado com toda paciência.

Ao meu coorientador Dr. Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva pela presença na banca de defesa e colaboração ao trabalho.

Ao professor Dr. Luciano Cabral pela presença na banca de defesa, pelos grandes ensinamentos, conselhos e dedicação à coordenação do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal – PPGCA/UFMT.

Ao Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Leite – CNPGL/EMBRAPA pelo fornecimento dos dados para a realização deste trabalho.

Às minhas amigas Hariany, Ane Elise e Ronyatta pelos momentos compartilhados no mestrado e na vida, meninas vocês foram incríveis.

Aos amigos de mestrado Flávio, Caio, Herta, Calixto, Pedro Ivo, pelo companheirismo e conhecimentos compartilhados.

À minha querida amiga Jamilly por ter contribuído carinhosamente para realização deste trabalho e pelos incríveis momentos de diversão.

Aos meus amigos Crissy, Luana, Ana Paula, Geovane, Vitor, Tainá, Lucas Moraes, Rayane, Jaime, Genilson e Laryssa por se fazerem presentes na minha vida, tornando-a mais alegre, compreendendo muitas vezes minha ausência e torcendo pelo meu sucesso.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudo, que possibilitou a realização deste mestrado.

À todas as pessoas que, direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

Dados Internacionais de Catalogação na Fonte.

F363h Fernandes, Luane da Silva.
Heterogeneidade de variância e parâmetros genéticos para
produção de leite em bovinos, mediante inferência bayesiana /
Luane da Silva Fernandes. -- 2018
41 f. ; 30 cm.

Orientador: Cláudio Vieira de Araújo.

Co-orientador: Felipe Gomes da Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Mato Grosso,
Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Programa de Pós-
Graduação em Ciência Animal, Cuiabá, 2018.

Inclui bibliografia.

1. avaliação genética. 2. bovino leiteiro. 3. gibbs. 4.
herdabilidade. 5. homocedasticidade. I. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Permitida a reprodução parcial ou total, desde que citada a fonte.

FOLHA DE APROVAÇÃO

Aluna: Luane da Silva Fernandes

Título: Heterogeneidade de variância e parâmetros genéticos para produção de leite em bovinos, mediante inferência bayesiana.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal de Mato Grosso para a obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Aprovada em: 20 de março de 2018

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Cláudio Vieira de Araújo (Presidente da Banca/Orientador/UFMT)

Instituição: UFMT

Assinatura:  _____

Prof. Dr. Felipe Gomes da Silva (Co-orientador/UFMT)

Instituição: UFMT

Assinatura:  _____

Dr. Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva (Co-orientador/EMBRAPA)

Instituição: UFMT

Assinatura:  _____

Prof. Dr. Luciano da Silva Cabral (Examinador Interno/UFMT)

Instituição: UFMT

Assinatura:  _____

Cuiabá – MT

2018

RESUMO

FERNANDES, L. S. **Heterogeneidade de variância e parâmetros genéticos para produção de leite em bovinos, mediante inferência bayesiana.** 2018 41f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal), Faculdade de Agronomia e Zootecnia, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, 2018.

Considerando a intensa utilização da técnica de inseminação artificial e o uso da metodologia dos modelos mistos, os reprodutores leiteiros podem ser avaliados através dos registros de produção de suas filhas distribuídas por diversas condições ambientais e em diferentes gerações, tendo-se a importância da inclusão do efeito de heterogeneidade de variância nas avaliações genéticas. Objetivou-se verificar a presença da heterogeneidade de variância para produção de leite até 305 dias de lactação (PL305) nos diversos rebanhos brasileiros da raça Girolando, Gir e Holandesa e o quanto esta heterogeneidade pode interferir na classificação dos valores genéticos dos reprodutores de cada raça. Foram utilizados 3.235, 2.884 e 11.178 registros de produção de leite até 305 dias de lactação de progênie oriundas de 73, 79 e 304 reprodutores da raça Girolando, Gir e Holânes, respectivamente, entre os anos de 2000 a 2015, provenientes do Teste de Progênie da Raça Girolando realizado pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG). As classes de desvios-padrão (DP) foram formadas pela padronização de médias de desvios-padrão das classes de rebanho-ano, sendo que a classe de baixo DP foi constituída por valores de desvios-padrão igual e menor que zero e a classe de alto DP com valores de desvios positivos. Os meses de parto foram agrupados em duas estações, sendo a de seca de abril a setembro e de chuva de outubro a março e utilizadas na formação grupo de contemporâneos pela junção das classes de rebanho, ano e estação de parto. No modelo de avaliação foram inclusos os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, as covariáveis de idade da vaca da ao parto (efeitos linear e quadrático) e grau de heterozigose (efeito linear), efeitos aleatórios genético aditivo de animal, de ambiente permanente do animal e resíduo. As análises para obtenção de componentes de variância e valores genéticos dos indivíduos para a produção de leite foram obtidas em duas situações, na primeira desconsiderando-se diferenças entre as variâncias entre as classes de desvios-padrão fenotípico (análise geral) e na segunda situação, os dados foram analisados considerando a produção de leite em cada classe de DP como características distintas, obtendo os componentes de (co) variâncias e valores genéticos em cada classe. Componentes de variâncias foram estimados pela inferência bayesiana utilizando o amostrador de Gibbs para a obtenção de médias *a posteriori*. Diferentes coeficientes de herdabilidades foram observados,

maiores para a classe de alto DP, na raça Girolando (0,27) e na raça Gir (0,34), sendo que o mesmo não ocorreu na raça Holandesa, contatando-se o mesmo coeficiente na classe de baixo e alto DP (0,25). No presente estudo foram encontrados altos valores das correlações genéticas entre as classes de baixo e alto DP (0,90; 0,90 e 0,95) para as raças Girolando, Gir e Holandesa, respectivamente. Correlações de ordem (spearman) encontradas considerando todos os touros foram altas para as três raças analisadas (igual ou acima de 0,88). A presença da heterogeneidade de variância verificada neste estudo sendo principalmente de natureza genética não prejudicou a avaliação genética dos reprodutores das três raças estudadas.

Palavras-chave: avaliação genética, herdabilidade, probabilidade condicional

ABSTRACT

FERNANDES, L. S. **Heterogeneity of variance and genetic parameters for milk production in cattle, using bayesian inference.** 2018 41f. Dissertation (Master in Animal Science), Faculty of Agronomy and Animal Science, Federal University of Mato Grosso, Cuiabá, 2018.

Considering the intense use of the artificial insemination technique and the use of the mixed models methodology, the dairy breeders can be evaluated through the production records of their daughters distributed under different environmental conditions and in different generations, with the importance of including the effect of variance heterogeneity in genetic evaluations. The objective was to verify the presence of variance heterogeneity for milk production up to 305 days of lactation (PL305) in the Brazilian Girolando, Gyr and Holstein herds and how this heterogeneity may interfere in the classification of the genetic values of the breeders of each breed. A total of 3,235, 2,884 and 11,178 milk production records were used up to 305 days of lactation of progenies from 73, 79 and 304 Girolando, Gyr and Holstein breeders, respectively, from 2000 to 2015, from the Progeny Test of the Girolando Breed conducted by the Genetic Breeding Program of the Girolando Breed (PMGG). The standard deviation (SD) classes were formed by standardizing means of standard deviations of the herd-year classes, and the low DP class consisted of values of standard deviations equal to and less than zero and the class of high DP with positive deviation values. The months of childbirth were grouped in two seasons, the dry season from April to September and rain from October to March and used in the group formation of contemporaries by joining the classes of herd, year and season of calving. In the evaluation model were included the fixed effects of group of contemporaries, covariates of cow's age at calving (linear and quadratic effects) and degree of heterozygosity (linear effect), genetic additive random effects of animal, permanent environment of the animal and residue. The analyzes to obtain components of variance and genetic values of the individuals for the milk production were obtained in two situations, in the first one disregarding differences between the variances between the classes of phenotypic standard deviations (general analysis) and in the second situation, the data were analyzed considering the milk production in each class of DP as distinct characteristics, obtaining the components of (co) variances and genetic values in each class. Components of variances were estimated by Bayesian inference using the Gibbs sampler to obtain a posteriori means. Different heritability coefficients were observed, higher for the high DP class, in the Girolando breed (0.27) and in the Gyr breed (0.34), and the same did not occur in the Holstein

breed, with the same coefficient being low and high DP class (0.25). In the present study, high genetic correlations were found between the low and high DP classes (0.90, 0.90 and 0.95) for the Girolando, Gyr and Holstein breeds, respectively. Correlations of order (spearman) found considering all bulls were high for the three races analyzed (equal to or above 0.88). The presence of the heterogeneity of variance verified in this study being mainly of genetic nature did not affect the genetic evaluation of the breeders of the three breeds studied.

Keywords: genetic evaluation, heritability, conditional probability

SUMÁRIO

Introdução Geral	13
Revisão Bibliográfica	14
Interação genótipo x ambiente	14
Heterogeneidade de variância	15
Inferência Bayesiana	19
Referências Bibliográficas	21
Capítulo 1- Heterogeneidade de variância e parâmetros genéticos para produção de leite em bovinos, mediante inferência bayesiana	25
1. Introdução	27
2. Material e Métodos	27
2.1 Métodos (Formação das classes de desvio-padrão fenotípico)	28
2.1.1 Modelo de análise da característica simples que não considera as classes de desvios-padrão fenotípicos	29
2.1.2 Modelo de análise que considera a produção de leite em cada classe de desvio-padrão fenotípico como característica distinta	31
2.1.3 Correlação entre valores genéticos	32
3. Resultados e discussão	32
4. Conclusão	38
5. Referências bibliográficas	39

Introdução Geral

Segundo o IBGE (2016), o efetivo rebanho brasileiro de bovinos foi de 218,230 milhões de cabeças em 2016 e o efetivo de vacas ordenhadas foi de 19,67 milhões de animais, dado 6,8% inferior ao registrado em 2015. Do efetivo total de bovinos, 9,0% correspondeu a vacas ordenhadas. A produção brasileira de leite, em 2016, foi de 33,62 bilhões de litros e a produtividade média foi de 1709 litros/vaca/ano, crescimento de 4,2% em relação ao ano precedente. Isso demonstra o potencial brasileiro para aumentar sua produção de leite que, necessariamente, depende da obtenção e uso de animais com valor genético superior.

A identificação dos melhores indivíduos somente pelo seu fenótipo não é tão eficaz, pois, existem fatores não genéticos que interferem na expressão de seu genótipo. Desta forma, uma das maneiras de estimar os valores genéticos de um indivíduo é por meio da realização de avaliações genéticas, utilizando-se informações de desempenho dos seus parentes e do próprio indivíduo.

As avaliações genéticas em gado de leite são comumente realizadas usando-se dados de produção de vários rebanhos, abrangendo informações de diferentes regiões. Por esta razão, os rebanhos chegam a diferir muito em relação à média de produção e à variância fenotípica. Sob essas condições, até mesmo os procedimentos de avaliação genética que fornecem soluções com propriedades de melhor predição linear não-viesada (BLUP), estão sujeitos a erros, podendo comprometer o progresso genético esperado pela seleção, quando realizada entre rebanhos (BUENO et al., 2007).

Conforme Araújo et al. (2008), considerar homogeneidade de variância para produção de leite entre os rebanhos na avaliação genética dos animais, quando essa pressuposição não é verdadeira, pode ocasionar estimação de componentes de variância viesados, gerando predição de valores genéticos errôneos, conduzindo a erros de classificação de reprodutores e, conseqüentemente o progresso genético pode ser afetado.

Objetivou-se com este trabalho verificar a presença da heterogeneidade de variância para produção de leite padronizada aos 305 dias de lactação nos diversos rebanhos brasileiros da raça Girolando, Gir e Holandesa e o quanto esta heterogeneidade pode interferir na classificação dos reprodutores de cada raça.

Revisão Bibliográfica

Interação genótipo x ambiente

O ambiente envolve todos os fatores não genéticos que contribuem, positiva ou negativamente, para a expressão fenotípica. De um ponto de vista restrito, inclui os efeitos proporcionados pelo próprio criador, diretamente, aos animais ou ao sistema produtivo. De forma mais ampla, o ambiente envolve aspectos sobre os quais o homem dificilmente tem poder de controle a não ser em situações raras, mas à custa de elevados investimentos. Nesta visão, existem variáveis como temperatura, radiação solar, precipitação pluviométrica e altitude. Com relação a este aspecto, a escolha, pura e simples, de animais adaptados às condições ambientais da propriedade pode ser o primeiro passo em direção ao sucesso do empreendimento. Esta decisão proporciona, por um lado, o contorno dos efeitos negativos da interação sobre genótipos de adaptação mais ampla, com diminuição dos custos de produção e por outro, ela capitaliza os efeitos positivos da interação, para genótipos de adaptação específica a determinados ambientes, contribuindo para o aumento da produtividade dos animais (ROSA, 2013).

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

Devido ao fato que genótipos superiores em ambiente determinado podem não ser os mesmos em diferentes ambientes, caracterizando a presença da interação genótipo x ambiente, seu estudo se torna de especial interesse.

Essa interação pode também provocar alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais e, por consequência, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, dificultando ou provocando mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (ALENCAR et al., 2005). Considerando este fato, e que, com a difusão da inseminação artificial, a utilização de touros se expandiu atingindo diversos ambientes, torna-se necessário que a magnitude da influência do ambiente sobre a produção seja esclarecida. Neste contexto, os estudos relacionados ao efeito da interação genótipo x ambiente sobre o desempenho dos animais assumem maior importância (LOPES et al., 2008).

O reconhecimento das diferenças em herdabilidade, de acordo com as médias de rebanhos, indicaria também o envolvimento de efeitos genéticos na heterogeneidade de variância observada dentro de rebanhos. A exploração do potencial genético, possivelmente como resultado de melhores condições de ambiente têm proporcionado frequentemente maiores estimativas de herdabilidade em rebanhos com maiores médias de produção (TORRES et al., 1999).

A existência de interação genótipo x ambiente pode demonstrar diferenças entre produções de leite de progênies de diferentes reprodutores em diversos rebanhos, e segundo Corrêa et al. (2009) esta interação não é considerada nas avaliações genéticas atualmente, pressupondo homogeneidade de variância nas metodologias utilizadas.

Heterogeneidade de variância

A herdabilidade é o coeficiente que determina a relação da variação genotípica no que se refere à variação fenotípica de uma característica em uma população. É uma propriedade não somente de caractere, mas também da população. Diante disso, para estabelecer estratégias de melhoramento genético a estimativa da herdabilidade é um parâmetro fundamental. Com base em seu valor e na intensidade da seleção praticada, pode-se estimar a taxa de ganho genético ao longo das gerações (BOLIGON et al., 2005).

Estimativas dos componentes de variância e coeficientes de herdabilidade têm se mostrado heterogêneas de acordo com diferentes níveis de produção, classes de desvio-padrão fenotípico dos rebanhos, tamanho do conjunto de dados além da forma da edição dos dados, dentre outros (MARION et al., 2001).

Em gado de leite, nas avaliações genéticas supõe-se a utilização de um modelo estatístico que melhor se ajuste aos dados de desempenho, isto é, que abranja o maior número possível de causas que interferem na variação da produção, permitindo comparações entre os animais com eliminação tanto quanto possível de diferenças não genéticas. Além disso, o modelo deve ser apropriado à estrutura da população de onde os dados são originários, contemplar grupos contemporâneos com relação a grupos genéticos, manejo, e diferenças de variação das características entre rebanhos (TEIXEIRA et al., 2002). Sendo que, para progresso genético nos sistemas de produção animal exige-se que estas avaliações genéticas dos animais sejam acuradas, seguida da seleção dos melhores indivíduos que serão pais da próxima geração. Na maioria dos programas de melhoramento de gado de leite, a seleção é baseada na Melhor Predição Linear Não-Viesada (BLUP) do valor genético, obtida pela metodologia de modelos

mistos. Embora tenha percepção do ganho genético substancial nos sistemas que utilizam esta metodologia, este ganho não é igual ao teoricamente possível (FALCÃO et al., 2006).

De acordo com DeStefano (1994), uma razão para que o atual progresso genético alcançado nos rebanhos não seja igual ao teoricamente esperado é que as pressuposições nas quais as atuais avaliações genéticas se baseiam têm sido violadas. Entre estas premissas, encontra-se a homogeneidade de variância.

O processo de seleção pode ter seu resultado comprometido caso a fonte da heterogeneidade de variância seja advindo de fatores ambientais, sendo esta heterogeneidade podendo ser considerada uma forma primária de interação genótipo x ambiente. Conseqüentemente, a seleção será realizada mais em função do ambiente que propriamente pelo genótipo do animal (ARAÚJO et al., 2011).

Normalmente, considera-se a existência de homogeneidade de variâncias genéticas e residual em todos os ambientes, num sistema de avaliação genética. Em condições ambientais heterogêneas ou quando desempenhos são obtidos durante um longo período de tempo, esta pressuposição pode não ser verdadeira (BUENO et al., 2007).

FALCÃO et al. (2006) avaliaram a heterocedasticidade entre estados do Brasil para produção de leite ajustados para 305 dias de lactação (PL305) em vacas da raça Holandesa, através de métodos bayesianos via amostrador de Gibbs. Supondo-se variâncias heterogêneas, as PL305 nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul foram consideradas como características diferentes. Admitindo-se homogeneidade de variância, a PL305 foi analisada segundo um modelo unicaracter. Para avaliar os laços genéticos entre pares de estados, foi utilizado o conceito de similaridade genética, definido por Rekaya et al. (1999) como a razão entre o número de filhas dos touros comuns entre o par de estados e o número de filhas de todos os touros utilizados no respectivo par de estados. A média e o desvio-padrão *a posteriori* da herdabilidade foram $0,278 \pm 0,012$ na análise do modelo unicaracter. As médias e os desvios-padrão *a posteriori* de herdabilidade para Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, foram $0,280 \pm 0,021$, $0,233 \pm 0,015$, $0,280 \pm 0,012$, $0,393 \pm 0,026$ e $0,382 \pm 0,022$, respectivamente. A baixa magnitude das correlações genéticas entre os estados (0,070 a 0,364) sugere a existência da interação genótipo x ambiente, logo, sugeriram que as PL305 em cada estado devem ser tratadas como características diferentes.

Vários estudos tem demonstrado a existência de heterogeneidade de variâncias fenotípicas, genéticas, residuais e de ambiente permanente para produção de leite (RORATO

et al., 2000; FALCÃO et al., 2008; ARAÚJO et al., 2009). Desta forma, considerar homogeneidade de variância pode levar a viés na estimação dos valores genético dos animais.

Quando a heterogeneidade de variância existe, embora ignorada, a produção das progênes de determinado reprodutor será ponderada na proporção dos desvios-padrão dos rebanhos nos quais essas filhas foram criadas. O resultado disso é que as produções das filhas, provenientes de rebanhos mais variáveis, influenciarão mais a avaliação do reprodutor do que as produções das filhas oriundas de rebanhos menos variáveis. No caso das filhas dos diversos reprodutores serem distribuídas uniformemente entre os rebanhos com variação diferente, nenhum vício nas avaliações seria observado. Entretanto, se as herdabilidades também diferem entre rebanhos, a acurácia da avaliação diminuiria, em decorrência destas diferenças não serem consideradas (TORRES et al., 2000).

Segundo mencionado por Araújo et al., (2002) nos casos em que através das produções de suas progênes os reprodutores têm seus valores genéticos estimados, o número de progênes utilizadas na avaliação do reprodutor também influenciaria a reposta à seleção, assim como o ambiente ao qual suas filhas foram impostas e a divisão delas dentre os diferentes ambientes. Desta forma, sendo importante a consideração nas avaliações genéticas o ambiente em que suas descendentes foram impostas, uma vez que esses ambientes influenciam nas respostas dos animais em termos de produção.

Com a heterogeneidade de variância ignorada, têm-se o risco de ocorrer por meio dos seus valores genéticos a ordenação dos animais de forma incorreta, assim comprometendo o progresso genético. Se, entretanto, de forma aleatória, entre rebanhos de baixa variabilidade forem distribuídas as filhas dos touros, é esperado que a ordenação dos mesmos não seja influenciada. Porém, a ordem das vacas poderá ser influenciada e aquelas que produzem em rebanhos com maior variabilidade poderão ser superavaliadas, em detrimento da subestimação dos valores genéticos de fêmeas criadas nos rebanhos de maior produção e menor variação fenotípica (ARAÚJO et al., 2008).

Uma das principais consequências de componentes de variância heterogêneos em avaliações genéticas é a superavaliação de animais acima da média nos rebanhos de maior variação e o resultado disto é a maior seleção de animais advindos desses rebanhos (ARAÚJO et al., 2017)

De acordo com Martins (2002), de maneira geral a presença de heterogeneidade de variância pode ser classificada de diferentes formas. A primeira sendo aquela que a presença de heterogeneidade de variância é decorrente da variância residual, apontando que a fonte desta heterogeneidade não afeta a diferença entre genótipos, porém altera a grandeza dos

resíduos. A segunda, indicando que a heterogeneidade de variância é devido à fonte de variação genética, e que por esta causa há alteração nas diferenças entre genótipos. A terceira sendo a heterogeneidade de variância é causada por alterações de variância tanto genética como residuais, afetando a magnitude da diferença entre genótipos e resíduos.

Facó et al., (2007) a partir de dados de genealogia e de produção de leite obtidos junto à Associação Brasileira de Criadores de Girolando investigaram a presença da heterogeneidade de variâncias para produção de leite em vacas mestiças Holandês x Gir e suas conseqüências sobre a avaliação genética dos animais. Estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) sob modelo animal, utilizando modelo unicaráter e tricaráter, sendo neste último as produções de leite dos animais dos grupos genéticos 1/2, 5/8 e 3/4 consideradas como características diferentes. A estimativa de herdabilidade para produção de leite obtida pelo modelo unicaráter foi de 0,31, enquanto pelo modelo tricaráter estas estimativas foram de 0,19, 0,26 e 0,37 para as produções de leite nos grupos genéticos 1/2, 5/8 e 3/4, respectivamente. As classificações dos animais em função dos valores genéticos preditos foram diferentes quando foram utilizados os modelos uni ou tricaráter. Os resultados evidenciaram a existência de variâncias heterogêneas para a produção de leite entre os grupos genéticos formadores da raça Girolando e o ajuste para a heterogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos pode levar a uma classificação mais correta dos animais de elite, garantindo maior progresso genético.

Costa et al., (2004) realizaram estudo com o objetivo de avaliar a presença da heterogeneidade de variância para as produções de leite e de gordura em animais puros e mestiços da raça Gir e avaliar o modelo multicaracter (leite e gordura como características distintas entre dois grupos genéticos), comparativamente ao modelo bicaracter (leite e gordura como características comuns ou iguais para os grupos genéticos), como alternativa para ajuste da heterogeneidade de variância da produção de leite e de gordura e sua aplicação na seleção de touros e vacas da raça Gir. Valores de herdabilidade maiores para as produções de leite e de gordura nos animais puros do que nos animais mestiços (0,23 e 0,20 e 0,08 e 0,07, respectivamente), encontrados foram resultados de presença de heterogeneidade de variância, demonstrando a necessidade da consideração deste efeito na avaliação genética de reprodutores Gir.

Conforme mencionado por Boldman e Freeman (1990), em estudo indicando incapacidade de transformação logarítmica da produção para estabilizar variâncias, a heterogeneidade de variâncias não é simplesmente o resultado de uma relação entre média e

variância. Portanto, a atribuição de rebanhos a grupos de variância deve ser feita pelo desvio padrão fenotípico estimado e não pela produção média.

Inferência Bayesiana

O método da máxima verossimilhança restrita tem sido o escolhido pelos programas de melhoramento genético para estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos. Entretanto, a inferência bayesiana vem se destacando como uma alternativa de grande flexibilidade, tanto em relação aos modelos que podem ser utilizados nas análises quanto em relação às inferências que podem ser realizadas a partir dos resultados. A sua aplicação em análises genéticas permite a obtenção de densidades *a posteriores* das variáveis estudadas e pode ser utilizada tanto em pequenos ou grandes conjuntos de dados, não sendo necessário o conhecimento da distribuição inicial do parâmetro que se deseja estimar (FARIA et al., 2007).

Na inferência bayesiana, todos os parâmetros do modelo são considerados variáveis aleatórias. O conhecimento do pesquisador é incorporado na análise por meio da distribuição *a priori* (conhecimento prévio). Essa distribuição de probabilidade $P(\theta)$ é combinada com a função de verossimilhança $L(\theta|x_1, \dots, x_n)$ (informação contida nos dados amostrais), gerando uma distribuição *a posteriori* $P(\theta|X)$, com base no teorema de Bayes, expresso por:

$$P(\theta|X) = \frac{L(\theta|X) \times P(\theta)}{\int L(\theta|X) \times P(\theta) d(\theta)}$$

Na expressão acima observa-se que o denominador não depende de θ , logo a fórmula de Bayes pode ser reescrita na forma $P(\theta|X) \propto L(\theta|X) \times P(\theta)$. A inferência sobre qualquer elemento de θ consiste em integrar a distribuição conjunta *a posteriori* em relação a todos os outros elementos que a constituem, obtendo assim a chamada distribuição marginal de θ_i . Entretanto, essa integração não é analítica sendo necessário utilizar algoritmos iterativos denominados MCMC (Markov Chain Monte Carlo), dentre os quais se destacam o amostrador de Gibbs e o Metropolis Hastings, que geram valores de uma distribuição condicional *a priori* para cada parâmetro. Caso não sejam conhecidas as formas das distribuições condicionais completas, utiliza-se o algoritmo de “Metropolis Hastings”. Se as distribuições condicionais completas possuem formas conhecidas, utiliza-se um caso especial do Metropolis-Hastings, o amostrador de Gibbs, no sentido que seja fácil amostrar de seus elementos. Nesse processo, as primeiras iterações são influenciadas pelo estado inicial e

podem ser descartadas (burn-in). Para que se obtenha uma amostra independente, as observações finais devem ser obtidas a cada k iterações (thin) (REIS et al., 2009).

Assegurar a convergência do Gibbs Sampling é uma questão crucial no uso dos procedimentos Bayesianos, associados aos métodos de Monte Carlo baseados em cadeias de Markov, pois, caso as amostras não sejam provenientes de uma distribuição *a posteriori* estacionária, as inferências não são válidas (FALCÃO et al., 2008). Alguns métodos, ou estratégias, são utilizados para monitorar a convergência das cadeias geradas por algoritmos sendo eles classificados como métodos informais e formais. Como método de monitoração formal tem-se, dentre os mais utilizados, aqueles propostos por Gelman e Rubin (1992), Geweke (1992), Heidelberger e Welch (1993) e Raftery e Lewis (1992).

Referências Bibliográficas

ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p. 489-495, 2005.

ARAÚJO, C. V.; OLIVEIRA, L. A.; ARAÚJO, S. I.; SILVA, D. A.; SILVA, A. A. Impacto da distribuição de número desigual de progênieis por reprodutor na avaliação genética de animais, em ambientes com presença de heterogeneidade de variância ambiental. **Ciência Animal Brasileira**, v.18, p. 1-9, 2017.

ARAÚJO, C. V.; BITTENCOURT, T. C. C.; ARAÚJO, S. I.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. F. Estudo de heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.9, p. 1902-1908, 2011.

ARAÚJO, C. V.; RESENDE, G. S. S.; ARAÚJO, S. I.; RENNÓ, F. P.; TOMAZINI, A. P. I.; MARQUES, J. R. F. Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça Pardo Suíço, utilizando-se inferência bayesiana. **Acta Scientiarum. Animal Science**, v.3, n.2, p. 205-211, 2009.

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 Produção Animal**, v.9, n.3, p. 416-425, 2008.

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

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.

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; FERREIRA, G. B. B.; WEBER, T.; KIPPERT, C. J.; ANDREAZZA, J. Herdabilidade e tendência genética para as produções de leite e de Gordura

em Rebanhos da Raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.5, p. 1512-1518, 2005.

BUENO, R. S.; TORRES, R. A.; RENNÓ, F. P.; ARAÚJO, C. V.; LOPES, P. S.; EUCLYDES, R. F. Ajustamento para heterogeneidade de variâncias para produção de leite e gordura entre rebanhos da raça Pardo-Suíça no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, n.2, p. 481-487, 2007.

CORRÊA, M. B. B.; LAURINO, J. N.; CARDOSO, F. F. Caracterização da interação genótipo ambiente e comparação entre modelos para ajuste de ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.8, p. 1460-1467, 2009.

COSTA, C. N.; MARTINEZ, M. L.; VERNEQUE, R. S.; TEODORO, R. L.; LEDIC, I. L. Heterogeneidade de (co)variância para as produções de leite e de gordura entre vacas puras e mestiças da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p. 555-563, 2004.

DESTEFANO, A. L. **Identifying and quantifying sources of heterogeneous residual and sire variance in dairy production data**. 1994. 133p. Ithaca: Cornell University. PhD Thesis (Animal Breeding) - Cornell University, 1994.

FACÓ, O.; FILHO, R. M.; LOBO, R. N. B.; OLIVEIRA, S. M. P.; MARTINS, G. A. Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. **Revista Ciência Agronômica**, v.38, n.3, p. 304-309, 2007.

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.

FALCÃO, A. J. S.; MARTINS, E. N.; COSTA, C. N.; SAKAGUTI, E. S.; MAZUCHELI, J. Heterocedasticidade entre estados para produção de leite em vacas da raça Holandesa usando métodos bayesianos via amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p. 405-414, 2006.

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; REYES, A. L.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v.8, n.1, p. 75-86, 2007.

GELMAN, A.; RUBIN, D. B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, v.7, n.4, p. 457-472, 1992.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments. In: BERNARDO, J. M. et al. (Ed.). **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 1992. p. 625-631.

HEIDELBERG, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**. Baltimore, v. 31, n. 6, p. 1109-1114, 1983.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Pesquisa Pecuária Municipal**. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/84/ppm_2016_v44_br.pdf>, Acesso em 15 de janeiro de 2018.

LOPES, J. S.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T.; BOLIGON, A. A.; COMIN, J. G.; DORNELLES, M. A. Efeito da Interação Genótipo-Ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.1, p.54-60, 2008.

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.

MARTINS, E. N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. p. 205-214.

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

RAFTERY, A. L.; LEWIS, S. Comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov chain Monte Carlo. **Statistical Science**. Hayward, v. 7, n. 4, p. 493-497, 1992.

REIS, R. L.; MUNIZ, J. A.; SILVA, F. F.; S´AFADI, T.; AQUINO, L. H. Abordagem bayesiana da sensibilidade de modelos para o coeficiente de endogamia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.6, p. 1752-1759, 2009.

ROSA, A. N.; MENEZES, G. R. O.; EGITO, A. A. Recursos genéticos e estratégias de melhoramento. In: ROSA, A. N.; MARTINS, E. N.; MENEZES, G. R. O.; SILVA, L. O. C. **Melhoramento genético aplicado ao gado de corte: programa geneplus**. Brasília: Embrapa, 2013, p. 11-26.

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

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

TORRES, R. A.; BERGMANN, J. A. G.; COSTA, C. N. PEREIRA, C. S.; VALENTE, J.; PENNA, V. M.; TORRES FILHO, R. A.; 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.

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

Capítulo 1- Heterogeneidade de variância e parâmetros genéticos para produção de leite em bovinos, mediante inferência bayesiana

Resumo

Objetivou-se verificar a presença da heterogeneidade de variância para produção de leite padronizada até 305 dias de lactação (PL305) nos diversos rebanhos brasileiros da raça Girolando, Gir e Holandesa e o quanto esta heterogeneidade pode interferir na classificação dos valores genéticos dos reprodutores de cada raça. Foram utilizados 3.235, 2.884 e 11.178 registros de PL305 de progênie oriundas de 73, 79 e 304 reprodutores da raça Girolando, Gir e Holandesa, respectivamente, entre os anos de 2000 a 2015, provenientes do Teste de Progênie da Raça Girolando realizado pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG). Para obtenção de consistência dos dados foram eliminados registros de proles sem informação de ascendência, sem data de nascimento ou data de parição. Limitou-se a duração da lactação entre 90 a 450 dias de lactação, sendo a idade da vaca ao parto de até 120 meses. Exigiu-se que os reprodutores possuíssem no mínimo duas filhas em cada classe e ainda com filhas em ambas as classes. As classes de desvio-padrão (DP) foram formadas pela padronização de médias de desvios-padrões de rebanho-ano, sendo que a classe de baixo DP foi constituída por valores de desvios-padrão igual e menor que zero e a classe de alto DP com valores de desvios positivos. No modelo de avaliação foram inclusos os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, as covariáveis de idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático) e grau de heterozigoses (efeito linear), efeitos aleatórios genético aditivo de animal, de ambiente permanente do animal e resíduo. Componentes de variâncias foram estimados pela inferência bayesiana utilizando o amostrador de Gibbs para a obtenção de médias *a posteriori*. Foram observadas diferentes herdabilidades, maiores para a classe de alto DP na raça Girolando (0,27) e na raça Gir (0,34), não ocorrendo o mesmo na raça Holandesa com valores iguais para ambas as classes de DP (0,25). No presente estudo foram constatados altos valores das correlações genéticas entre as classes de baixo e alto DP (0,90; 0,90 e 0,95) para as raças Girolando, Gir e Holandesa, respectivamente. Correlações de ordem (Spearman) encontradas considerando todos os touros foram altas para as três raças analisadas (igual ou acima de 0,88). A presença da heterogeneidade de variância (principalmente devida a fatores genéticos) constatada neste estudo não prejudicou a avaliação genética dos reprodutores das três raças estudadas.

Palavras-chave: bovino leiteiro, gibbs, homocedasticidade

Abstract

The objective of this study was to verify the presence of variance heterogeneity for the production of standardized milk up to 305 days of lactation (PL305) in the Brazilian Girolando, Gyr and Holstein herds and how this heterogeneity may interfere in the classification of the genetic values of each breeding stock breed. A total of 3,235, 2,884 and 11,178 records of PL305 from progenies from 73, 79 and 304 Girolando, Gyr and Holstein breeders, respectively, were used between 2000 and 2015 from the Girolando Race Progeny Test conducted by the Genetic Improvement of the Girolando Breed (PMGG). To obtain data consistency, records of offspring with no ancestry information were deleted, with no birth date or calving date. The duration of lactation was limited to 90 to 450 days of lactation, and the cow's age at calving up to 120 months. Breeders were required to have at least two daughters in each class and still had daughters in both classes. The standard deviation (SD) classes were formed by the standardization of means of standard deviations of herd-year, and the low DP class consisted of values of standard deviations equal to and less than zero and the high DP class with positive deviation values. In the evaluation model were included the fixed effects of group of contemporaries, cow covariates of age at calving (linear and quadratic effects) and degree of heterozygosis (linear effect), genetic additive random effects of animal, permanent environment of the animal and residue. Components of variances were estimated by Bayesian inference using the Gibbs sampler to obtain a posteriori means. Different heritabilities were observed, higher in the Girolando breed (0.27) and the Gyr breed (0.34), and the same was not observed in the Holstein breed with equal values for both DP classes (0.25). In the present study, high genetic correlations were found between the low and high DP classes (0.90, 0.90 and 0.95) for the Girolando, Gyr and Holstein breeds, respectively. Correlations of order (Spearman) found considering all bulls were high for the three races analyzed (equal to or above 0.88). The presence of variance heterogeneity (mainly due to genetic factors) found in this study did not affect the genetic evaluation of the breeders of the three breeds studied.

Keywords: dairy cattle, gibbs, homocedasticity

1. Introdução

A utilização mais intensa da técnica de inseminação artificial e uso de metodologia de modelos mistos possibilitou a realização de avaliação genética de reprodutores leiteiros através do desempenho de suas filhas submetidas a diferentes condições de ambiente e em diferentes gerações.

Segundo Araújo et al. (2009) heterogeneidade de variância pode ser considerada uma forma de interação genótipo x ambiente e, ainda, sua presença na produção de leite pode ocasionar falhas no processo de identificação dos melhores animais durante a seleção genética, pois, se esta fonte de heterogeneidade de variância for por causas ambientais, os reprodutores serão selecionados mais pelo ambiente do que propriamente pelo seu genótipo.

As avaliações genéticas são realizadas em bovinos de corte e leite em âmbito nacional e contendo registros de produção de rebanhos que têm grande variação ambiental (geográfica, manejo alimentar e sanitário) e genética. Diante disto, a média de produção nos rebanhos chegam a diferir em relação à média e variância fenotípica para as características que apresentam importância econômica (CAMPÊLO et al., 2003).

Mesmo os procedimentos que produzem avaliação genética com propriedades de melhor predição linear não-viesada (BLUP) para as soluções dos efeitos aleatórios, estão sujeitos a erros e, conseqüentemente, pode comprometer o progresso genético esperado pela seleção, quando realizada entre rebanhos (ARAÚJO et al., 2011). Segundo Marion et al. (2001) isso se deve ao fato de que, na maioria dos procedimentos de avaliação genética utilizando modelos mistos, em gado de leite, simplesmente é assumido a existência de variâncias genotípicas e residual homogêneas nos diferentes rebanhos.

Objetivou-se com este trabalho verificar a presença da heterogeneidade de variância para produção de leite padronizada até 305 dias de lactação nos diversos rebanhos brasileiros da raça Girolando, Gir e Holandesa e o quanto esta heterogeneidade pode interferir na classificação dos valores genéticos dos reprodutores em cada raça.

2. Material e Métodos

Foram utilizados 3.235, 2.884 e 11.178 registros de produção de leite padronizada até 305 dias de lactação de progênes oriundas de 73, 79 e 304 reprodutores da raça Girolando, Gir e Holânes, respectivamente, entre os anos de 2000 a 2015, provenientes do Teste de Progênie da Raça Girolando realizado pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG).

Para obtenção de consistência dos dados de produção de leite foram eliminados registros de proles sem informação de ascendência, sem data de nascimento ou data de parição. Limitou-se a duração da lactação entre 90 a 450 dias de lactação, sendo a idade da vaca ao parto de até 120 meses. Foram excluídas observações referentes às classes de rebanho–ano-estação de parto com número de informações menor que quatro. Exigiu-se que os reprodutores possuíssem no mínimo duas filhas em cada classe e ainda com filhas em ambas as classes.

Os meses de parto foram agrupados em duas estações, sendo a de seca de abril a setembro e de chuva de outubro a março e utilizadas na formação grupo de contemporâneos pela junção das classes de rebanho, ano e estação de parto.

No modelo de avaliação foram inclusos os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, as covariáveis idade da vaca da ao parto (efeitos linear e quadrático) e grau de heterozigoses (efeito linear), efeitos aleatórios genético aditivo de animal, de ambiente permanente do animal e resíduo.

A heterozigose em cada raça foi calculada como:

$$\text{Heterozigose} = (\text{HP} \times \text{GM}) + (\text{HM} \times \text{GP})$$

Em que:

HP é grau da composição racial da raça Holandesa proveniente da contribuição do pai;

GM é grau da composição racial da raça Gir proveniente da contribuição da mãe;

HM é grau da composição racial da raça Holandesa proveniente da contribuição da mãe;

GP é grau da composição racial da raça Gir proveniente da contribuição do pai.

2.1 Métodos (Formação das classes de desvio-padrão fenotípico)

Com o objetivo de verificar a presença de heterogeneidade de variâncias entre rebanhos, classificaram-se os rebanhos em duas classes de desvio-padrão fenotípico (DP) para produção de leite. Para a formação das classes de DP foram definidas classes de rebanho-ano de parto e, posteriormente, calculadas as médias de produção de leite em cada uma destas classes. Os valores médios foram padronizados (média zero e variância um) e então utilizados para definir as classes de DP. A classe de baixo DP foi constituída por valores de desvios-padrão igual e menor que zero e a classe de alto DP com valores de desvios positivos.

Fórmula da média padronizada:

$$Z = (x - \mu) / \sigma$$

Onde:

\bar{x} é a média das classes de rebanho-ano de parto das progênes dos reprodutores de cada raça;

μ é a média geral da produção até os 305 dias das progênes dos reprodutores de cada raça;

σ é o desvio-padrão da produção até os 305 dias das progênes dos reprodutores de cada raça;

As análises para obtenção de componentes de variância e valores genéticos dos indivíduos para a produção de leite foram obtidas em duas situações, na primeira desconsiderando-se diferenças entre as variâncias entre as classes de desvios-padrão fenotípico (análise geral) e na segunda situação, os dados foram analisados considerando a produção de leite em cada classe de DP como características distintas, obtendo os componentes de (co) variâncias e valores genéticos em cada classe.

2.1.1 Modelo de análise da característica simples que não considera as classes de desvios-padrão fenotípicos

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

$$y = X\beta + Za + Wp + \epsilon$$

Em que:

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

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

β é um vetor $f \times 1$, de efeitos fixos;

Z é uma matriz $n \times N_0$, de incidência dos valores genéticos;

a é um vetor $N_0 \times 1$, de valores genéticos dos animais;

W é uma matriz $n \times N$, de incidência dos efeitos permanentes de meio ambiente sobre os animais;

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

e ϵ é um vetor de resíduos da mesma dimensão de y .

Sendo N_0 o número de animais incluídos na análise; N número de indivíduos com observação; n número total de observações e f número de classes de efeitos fixos.

Assumiu-se a distribuição condicional dos dados y , dado b ; a e p , como sendo normal multivariada:

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

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

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

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

Densidade priori plana foi assumida para os elementos de $\boldsymbol{\beta}$, por refletir a falta de conhecimento sobre os parâmetros de locação de efeitos "fixos".

Para os valores genéticos, assumiram-se distribuições priori normal multivariada.

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

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

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

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

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

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

$$\mathbf{p}(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2 \mid \mathbf{y}) \propto \mathbf{p}(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2) \mathbf{p}(\mathbf{y} \mid \mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2) = \mathbf{p}(\mathbf{b})\mathbf{p}(\mathbf{a} \mid \sigma_a^2) \mathbf{p}(\sigma_a^2) \\ \mathbf{p}(\mathbf{p} \mid \sigma_p^2) \mathbf{p}(\sigma_p^2) \mathbf{p}(\sigma_e^2) \mathbf{p}(\mathbf{y} \mid \mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_e^2)$$

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

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

2.1.2 Modelo de análise que considera a produção de leite em cada classe de desvio-padrão fenotípico como característica distinta

A análise que considera cada classe de DP como uma característica distinta, para obtenção de componentes de variância e valores genéticos dos reprodutores para produção de leite, levando-se em conta uma distribuição conjunta das características, considerou o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{p} + \boldsymbol{\epsilon}$$

Sendo:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{a1} & 0 \\ 0 & Z_{a2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{p1} & 0 \\ 0 & Z_{p2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \end{bmatrix}$$

em que y_i = produção de leite na i -ésima classe de DP e os demais termos que representa a produção de leite em cada classe de DP são os mesmos descritos anteriormente no modelo de característica única.

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

$$f(\mathbf{T} | \mathbf{T}_0, \mathbf{v}) \propto |\mathbf{T}|^{-1/2(\mathbf{v}+\mathbf{m}+1)} \mathbf{x} \exp[\text{Tr}(-1/2\mathbf{T}_0^{-1} \mathbf{T}^{-1})]$$

Com \mathbf{T}_0 sendo a matriz de parâmetro de escala de ordem $q \times q$, positiva definida, \mathbf{v} parâmetro de escala, associado ao grau de confiança e que possibilita o formato da distribuição dos componentes.

Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo GIBBSF90.exe, pertencente à família de programas BLUPF90, que usa metodologia bayesiana com amostragem de Gibbs para características contínuas (Misztal, 2001). Utilizou-se tamanho de cadeia de 300000

rounds, com descarte inicial de 30.000 iterações para o período de “aquecimento” da cadeia de Gibbs, no intuito de se minimizarem os efeitos dos valores iniciais e para assegurar a independência das amostras, considerou-se um intervalo de retirada de 10 iterações, gerando um total de 27000 amostras dos componentes de variância.

O critério de convergência utilizado foi o diagnóstico de Geweke (1992), fundamentado em um teste Z para duas amostras independentes com nível de 5% de probabilidade, utilizando seguinte fórmula:

$$Z_i = \frac{\bar{l}_i^A - \bar{l}_i^B}{\sqrt{\frac{S_A^2}{n_A} + \frac{S_B^2}{n_B}}}$$

Em que: n_A , n_B , $\bar{l}_i^A = \frac{1}{n_A} \sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$; $\bar{l}_i^B = \frac{1}{n_B} \sum_{j=n^*}^m l_i^{(j)}$, S_A^2 e S_B^2 correspondem ao tamanho da cadeia, estimativas de médias e variâncias posteriores para os 10% valores iniciais e 50% valores finais, respectivamente.

2.1.3 Correlação entre valores genéticos

Com a finalidade de observar se a presença de heterogeneidade de variância para a produção de leite poderia causar diferenças no ordenamento dos melhores animais com base em seus valores genéticos, os valores genéticos, em análise geral e em cada classe de desvio-padrão fenotípico foram organizados em arquivos e, posteriormente, quantificadas as correlações de Spearman, separadamente para todos reprodutores dentro de cada raça e para os 20 % reprodutores com maior valor genético em análise geral. O Cálculo da correlação de Spearman foi obtido do pacote estatístico Statistical Analysis System (SAS, 2002).

3. Resultados e discussão

Valores posteriores observados para médias, desvios padrão, coeficientes de variação, número de lactações e número de grupo de contemporâneos, para produção de leite, em cada classe de desvio padrão fenotípico e em análise geral é apresentado na Tabela 1 para as raças Girolando, Gir e Holandesa.

Os rebanhos incluídos na classe de alto desvio-padrão fenotípico apresentaram maior média de produção de leite para todas as raças, porém o maior desvio-padrão é encontrado na análise geral, não ocorrendo aumento da média associado com o aumento do DP nas três raças analisadas. Resultado semelhante foi observado por Teixeira et al., (2002) e Weber et al.,

(2005) onde estes autores verificaram que o aumento da média não promoveu necessariamente o aumento do desvio-padrão.

Estes resultados são contrários aos encontrados por Araújo et al., (2002) ao trabalharem com vacas da raça Pardo-Suíço, onde o aumento da média de produção de leite foi acompanhada do aumento do DP, confirmando a associação entre média e DP dentro rebanho.

A classe de alto DP com menor coeficiente de variação, maior média e DP entre as classes, exibe homogeneidade da produção de leite dos animais dentro desta classe nas três raças, indicando que o critério de formação das classes de DP foi eficiente.

Tabela 1. Médias, desvios-padrão (DP), coeficientes de variação (CV), número de observações para lactações e grupo de contemporâneos (GP) em cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análise geral para produção de leite até 305 dias de lactação

	Parâmetros	Classes de desvios-padrão		Análise Geral
		Baixo	Alto	
Girolando	Média (Kg)	3042	5137	4101
	DP (Kg)	1203	1688	1803
	CV (%)	39,56	32,86	43,98
	Lactações	1600	1635	3235
	GP	437	348	785
Gir	Média (Kg)	3538	6157	5139
	DP (Kg)	1474	2160	2308
	CV (%)	41,67	35,09	44,91
	Lactações	1121	1763	2884
	GP	345	420	765
Holandês	Média (Kg)	4053	6208	5126
	DP (Kg)	1440	2040	2067
	CV (%)	35,54	32,86	40,33
	Lactações	5614	5564	11178
	GP	836	881	1717

Médias *a posteriori* das estimativas dos componentes de variância referente ao efeito genético aditivo e de efeito residual (Tabela 2, 3 e 4), em todas as raças, aumentaram da classe de baixo para alto desvio-padrão fenotípico. O aumento das estimativas dos componentes de variância genética e residual, de acordo com o aumento do nível de produção

dos rebanhos, foi observado também por Torres et al. (1999); Araújo et al. (2002) e Weber et al. (2005), todos em bovinos por meio de inferência frequentista.

Houve aumento da variância referente ao ambiente permanente da classe de baixo DP para o de alto DP, exceto na raça Gir, onde ocorreu o contrário. A estimativa deste componente de variância teve valor expressivo, revelando que este efeito contribuiu na variabilidade das produções. Este resultado mostra considerada variância das produções mensuradas em diferentes lactações entre indivíduos, que são atribuídas ao ambiente.

Para o critério de GEWEKE (GEWEKE, 1992), que consiste em indicar a convergência da média, resultou em um valor probabilidade associada ao teste sempre maior que o nível de significância adotado de 5%, não apresentando evidências contra a convergência das cadeias e também observando que as médias *a posteriori* dos componentes de variância genética, de ambiente permanente e residual encontram-se dentro do intervalo de credibilidade (HPD), mostrando que a análise bayesiana foi válida.

Tabela 2. Médias e respectivos desvios-padrão *a posteriori* pelo método de Amostrador de Gibbs e intervalo de credibilidade (hpd=95%) dentro da variância genética aditiva (σ^2_a), variância de ambiente permanente (σ^2_p), variância residual (σ^2_e), herdabilidade (h^2), repetibilidade (rep) e correlação genética (r_g) para produção de leite até os 305 dias de filhas de reprodutores da raça Girolando em análise geral e nas diferentes classes de desvios-padrão fenotípico

	Classes de desvios-padrão		Análise geral
	Baixo	Alto	
σ^2_a	1350,92 ± 751,07	5295,88 ± 1501,73	2729,42 ± 1026,88
HPD=95%	(2125,00 - 2756,00)	(2520,00 - 8278,00)	(7906,00 - 4692,00)
σ^2_p	2683,27 ± 777,04	3169,74 ± 1314,45	2427,79 ± 900,03
HPD=95%	(1160,00 - 4144,00)	(656,40 - 5697,00)	(6605,00 - 4185,00)
σ^2_e	6316,08 ± 575,45	11238,95 ± 802,01	9851,48 ± 474,02
HPD=95%	(5240,00 - 7477,00)	(9654,00 - 12790,00)	(8932,00 - 10770,00)
h^2	0,13 ± 0,07	0,27 ± 0,07	0,18 ± 0,07
Rep	0,039 ± 0,06	0,43 ± 0,04	0,34 ± 0,03
r_g	0,90 ± 0,15		-

Valores de herdabilidade foram maiores nas classes de alto DP, com exceção da raça Holandesa, onde foram iguais nas classes de baixo e alto DP (0,25). Isso se deve ao fato que apesar do aumento das médias *a posteriori* das estimativas de componente de variância genética aditiva e de variância residual das classes de baixo DP para alto DP, este aumento

não ocorreu na mesma proporção, tendo maior variabilidade genética aditiva na classe de alto DP, quando comparado com a classe de baixa DP.

Assim, nas raças Gir e Girolando com maiores estimativas de valores médios de produção de leite na classe de alto DP, com menores coeficientes de variação e maiores estimativas de herdabilidade implica dizer que nesta classe os animais estavam submetidos a condições de ambiente que permitiram maior expressão de seu potencial genético demonstrando maior variabilidade genética aditiva presente nessas raças quando comparada a raça Holandesa.

Tabela 3. Médias e respectivos desvios-padrão *a posteriori* pelo método de Amostrador de Gibbs e intervalo de credibilidade (hpd=95%) dentro da variância genética aditiva (σ^2_a), variância de ambiente permanente (σ^2_p), variância residual (σ^2_e), herdabilidade (h^2), repetibilidade (rep) e correlação genética (r_g) para produção de leite até 305 dias de filhas de reprodutores da raça Gir em análise geral e nas diferentes classes de desvios-padrão fenotípico

	Classes de desvios-padrão		Análise geral
	Baixo	Alto	
σ^2_a HPD=95%	4725,63 ± 1779,86 (1688,0- 8474,0)	11004,88 ± 2923,40 (5396,0 - 16590,0)	5061,30 ± 2133,25 (1245,0 - 9227,0)
σ^2_p HPD=95%	6136,10 ± 1692,87 (2798,0 - 9542,0)	5622,53 ± 2405,60 (957,50 - 10130,00)	7190,77 ± 1893,29 (3361,0 - 10760,0)
σ^2_e HPD=95%	7608,96 ± 997,93 (5729,0 - 9569,0)	15724,27 ± 1222,49 (13380,0 - 18170,0)	14110,02 ± 806,80 (12580,0 - 15720,0)
h^2	0,25 ± 0,09	0,34 ± 0,08	0,19 ± 0,08
Rep	0,59 ± 0,06	0,51 ± 0,04	0,46 ± 0,03
r_g	0,90 ± 0,10		-

Herdabilidade em análise geral da raça Girolando (0,18) foi diferente do encontrado por Facó et al. (2007) que obteve o coeficiente de 0,31. Herdabilidade encontrada para análise geral (0,19) na raça Gir é o mesmo relatado por Ledic et al. (2002) e próximo ao encontrado por Costa et al. (2004) (0,20).

Valores de herdabilidade de 0,16; 0,25 e 0,25 (análise geral, alto e baixo DP, respectivamente) diferiram aos encontrados Falcão et al. (2006) em análise geral (0,27) e por Weber et al. (2005), em análise geral (0,22), nível baixo de produção (0,14) e nível alto de produção (0,19), para animais da raça Holandesa.

O incremento da estimativa de herdabilidade com a elevação do nível de produção é em decorrência do fato que as vacas podem expressar melhor o seu potencial genético em rebanhos com altos níveis de produção, devido ao melhor ambiente oferecido com controle de enfermidades e melhor alimentação (HILL et al., 1983).

Para a raça Girolando, Gir e Holândes, no presente estudo foram constatados altos valores das correlações genéticas (Tabela 4, 5 e 6) entre as classes de baixo e alto DP (0,90; 0,90 e 0,95), respectivamente, indicando ausência expressiva de heterogeneidade de variância para produção de leite até os 305 dias nos rebanhos analisados e que seria esperado que os animais fossem classificados de maneira similar em ambos os níveis de produção. Boldman e Freeman (1990); Araújo et al. (2002) encontraram resultados semelhantes de correlação genética entre a mesma característica entre níveis de produção, sendo maiores que 0,90.

Tabela 4. Médias e respectivos desvios-padrão *a posteriori* pelo método de Amostrador de Gibbs e intervalo de credibilidade (hpd=95%) dentro da variância genética aditiva (σ^2a), variância de ambiente permanente (σ^2p), variância residual (σ^2e), herdabilidade (h^2), repetibilidade (rep) e correlação genética (r_g) para produção de leite até 305 dias de filhas de reprodutores da raça Holandesa em análise geral e nas diferentes classes de desvios-padrão fenotípico

	Classes de desvios-padrão		Análise geral
	Baixo	Alto	
σ^2a HPD=95%	4261,66 ± 723,78 (2912,0 - 5756,0)	8115,09 ± 1307,41 (5633,0 - 10770,0)	3886,08 ± 666,78 (2619,0 - 5230,0)
σ^2p HPD=95%	3397,93 ± 690,16 (2047,0 - 4722,0)	6227,92 ± 1246,84 (3831,0 - 8760,0)	6415,10 ± 674,06 (5125,0 - 7760,0)
σ^2e HPD=95%	9538,63 ± 385,49 (8780,0 - 10280,0)	18377,42 ± 757,20 (16890,0 - 19840,0)	14264,47 ± 370,01 (13560,0 - 15010,0)
h^2	0,25 ± 0,04	0,25 ± 0,04	0,16 ± 0,03
Rep	0,46 ± 0,02	0,44 ± 0,02	0,42 ± 0,02
r_g	0,95 ± 0,06		-

As correlações de ordem (Spearman) entre os valores genéticos obtidos nas análises de baixo e alto DP e os obtidos na análise geral levando em consideração todos os reprodutores foram igual ou acima de 0,88 (Tabela 5, 6 e 7) e significativas ($p < 0,01$) para as três raças estudadas.

Para esses dois tipos de rebanhos, de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, a eficiência da seleção de reprodutores pelo mérito genético, proveniente de análises de

característica única geral (desconsiderando-se a heterogeneidade de variâncias), indica que não seria prejudicada, havendo, nessas condições, adequada expressão do potencial genético dos animais.

Tabela 5. Estimativas de correlação Spearman (acima da diagonal) entre todos os touros em análise geral e em cada classe de desvio-padrão fenotípico e para os 20% melhores touros (abaixo da diagonal) classificados em análise geral para produção de leite até 305 dias de filhas de reprodutores da raça Girolando

	Análise Geral	Classe baixo	Classe alto
Análise Geral	1	0,94	0,98
Classe baixo	0,81	1	0,88
Classe alto	0,96	0,71	1

Tabela 6. Estimativas de correlação Spearman (acima da diagonal) entre todos os touros em análise geral e em cada classe de desvio-padrão fenotípico e para os 20% melhores touros (abaixo da diagonal) classificados em análise geral para produção de leite até 305 dias de filhas de reprodutores da raça Gir

	Análise Geral	Classe baixo	Classe alto
Análise Geral	1	0,98	0,98
Classe baixo	0,68	1	0,97
Classe alto	0,96	0,86	1

Tabela 7. Estimativas de correlação Spearman (acima da diagonal) entre todos os touros em análise geral e em cada classe de desvio-padrão fenotípico e para os 20% melhores touros (abaixo da diagonal) classificados em análise geral para produção de leite até 305 dias de filhas de reprodutores da raça Holandesa

	Análise Geral	Classe baixo	Classe alto
Análise Geral	1	0,93	0,98
Classe baixo	0,91	1	0,93
Classe alto	0,97	0,86	1

Entretanto, quando a correlação é realizada para os 20% dos melhores reprodutores com base no valor genético em análise geral, a correlação com as classes de DP diminuíram, sendo constatadas reduções dos valores destas correlações maiores nas classes de baixo DP, 14% para raça Girolando, 31% para raça Gir e de apenas 2% para raça Holandesa. Quanto maior a intensidade de seleção, menor a porcentagem de animais comuns entre os grupos de classificação, pois o efeito dos erros na ordem de classificação é mais evidente quando pequeno número de animais é selecionado.

A maior associação das classes de alto DP com a análise geral indica que rebanhos mais variáveis contribuem com maior participação na predição dos valores genéticos em situação que se despreza a heterogeneidade de variância, isso se deve ao fato que as classes de alto DP foram detentoras de maior variabilidade genética aditiva.

Tabela 8. Posição real de classificação dos 10 melhores reprodutores da raça Girolando, Gir e Holandesa, classificados com base nos valores genéticos preditos em análise geral e considerando as classes de desvios-padrão fenotípico

Girolando			Gir			Holandês		
Análise Geral	Classes de desvios-Padrão		Análise Geral	Classes de desvios-Padrão		Análise Geral	Classes de desvios-Padrão	
	Baixo	Alto		Baixo	Alto		Baixo	Alto
1º	1º	1º	1º	1º	1º	1º	3º	1º
2º	2º	3º	2º	2º	2º	2º	2º	3º
3º	4º	2º	3º	8º	3º	3º	5º	4º
4º	3º	5º	4º	3º	4º	4º	1º	2º
5º	7º	4º	5º	4º	5º	5º	30º	5º
6º	16º	6º	6º	7º	8º	6º	6º	6º
7º	5º	8º	7º	5º	6º	7º	4º	7º
8º	8º	10º	8º	12º	10º	8º	20º	8º
9º	11º	7º	9º	9º	12º	9º	10º	11º
10º	20º	9º	10º	13º	9º	10º	12º	29º

É apresentada na tabela 8, a posição real dos 10 melhores reprodutores da classificação em análise geral comparada com a análise considerando as classes de DP. Observando-se a posição real de classificação dos 10 melhores reprodutores de cada raça classificados com base nos valores genéticos preditos em análise geral e considerando as classes de desvios-padrão fenotípicos são verificadas poucas inversões nas posições de classificação dos reprodutores. Isso demonstra que a heterogeneidade de variância existente (devida a fatores genéticos) não prejudicou a avaliação genética dos reprodutores das três raças estudadas quando se realiza análise geral (desconsiderando heterogeneidade de variância).

4. Conclusão

Estimativas de herdabilidade e correlação genética para a produção de leite revelaram que a heterogeneidade de variância presente é, principalmente, de natureza genética, dessa forma, a presença de heterogeneidade de variância não prejudica a avaliação genética de reprodutores para as três raças estudadas.

5. Referências bibliográficas

- ARAÚJO, C.V.; BITTENCOURT, T. C. C.; ARAÚJO, S.I.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.F. Estudo de heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.9, p. 1902-1908, 2011.
- ARAÚJO, C. V.; RESENDE, G. S. S.; ARAÚJO, S. I.; RENNÓ, F. P.; TOMAZINI, A. P. I.; MARQUES, J. R. F. Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça Pardo Suíço, utilizando-se inferência bayesiana. **Acta Scientiarum. Animal Science**, v.3, n.2, p. 205-211, 2009.
- ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; RENNÓ, F. P.; PEREIRA, J. C.; TORRES FILHO, R. A.; ARAÚJO, S. I.; PIRES, A. V.; RODRIGUES, C. A. F. Heterogeneidade de variância na avaliação genética de reprodutores da raça pardo-Suíça no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, p. 1343-1349, 2002.
- 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.
- CAMPÊLO, J. E. G.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; SILVA, L. O. C.; EUCLYDES, R. F.; ARAÚJO, C. V.; PEREIRA, C. S. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da Tabapuã. Arquivo **Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.6, p. 685-693, 2003.
- COSTA, C. N.; MARTINEZ, M. L.; VERNEQUE, R. S.; TEODORO, R. L.; LEDIC, I. L. Heterogeneidade de (co)variância para as produções de leite e de gordura entre vacas puras e mestiças da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p. 555-563, 2004.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments. In: BERNARDO, J. M. et al. (Ed.). **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 1992. p. 625-631.
- HILL, W.G., EDWARDS, R.M., 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.

FACÓ, O.; FILHO, R. M.; LOBO, R. N. B.; OLIVEIRA, S. M. P.; MARTINS, G. A. Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. **Revista Ciência Agronômica**, v.38, n.3, p. 304-309, 2007.

FALCÃO, A. J. S.; MARTINS, E. N.; COSTA, C. N.; SAKAGUTI, E. S.; MAZUCHELI, J. Heterocedasticidade entre estados para produção de leite em vacas da raça Holandesa usando métodos bayesianos via amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p. 405-414, 2006.

LEDIC, I. L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R. S.; EL FARO, L.; MARTINEZ, M. L.; COSTA, C. N.; PEREIRA, J. C. C.; FERNANDES, L. O.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientes para as produções de leite no dia de controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.5, p. 1953-1963, 2002.

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.

Misztál, I. Computer programs. 2001. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/programs.html> (20/04/10).

SAS Institute. SAS language and procedures: usage. Version 9.0. Cary: SAS Institute; 2002.

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

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

WEBER, T.; RORATO, P. R. N.; FERREIRA, G.B.B. et. al. Coeficientes de herdabilidade e correlações genéticas para as produções de leite e de gordura, em diferentes níveis de

produção, para raça holandesa no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p. 514-519, 2005.