

## Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã

[Influence of heterogeneity of variances on genetic evaluation of Tabapuã beef cattle]

J.E.G. Campelo<sup>1</sup>, P.S. Lopes<sup>2</sup>, R.A. Torres<sup>2</sup>, L.O.C. Silva<sup>3</sup>, R.F. Euclides<sup>2</sup>, C.V. Araújo<sup>4</sup>, C.S. Pereira<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia - Universidade Federal do Piauí  
Centro de Ciências Agrárias  
Campus da Socopo  
64049-550 - Teresina, PI

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia - Universidade Federal de Viçosa - Viçosa, MG

<sup>3</sup>EMBRAPA - Gado de Corte - Campo Grande, MS

<sup>4</sup>Estudante de Doutorado - Universidade Federal de Viçosa - Viçosa, MG

<sup>5</sup>Profa. Visitante - Universidade Federal de Viçosa - Viçosa, MG

Apoio financeiro: CAPES-PICDT

Recebido para publicação em 12 de fevereiro de 2003

Recebido para publicação, após modificações, em 17 julho de 2003

E-mail: elivalto@ufpi.br

### RESUMO

Verificou-se a influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. Dados de pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade foram estratificados com base no desvio-padrão fenotípico do peso aos 120 dias dos grupos de contemporâneos em três classes: baixo (<14,9kg), médio (14,9 a 18,9kg) e alto (>18,9kg) desvio-padrão. Nas análises de múltiplas características, em que o peso foi considerado característica distinta em cada classe de desvio-padrão, constatou-se que as variâncias genéticas e residuais foram maiores com o aumento do desvio-padrão da classe. As herdabilidades foram 0,26, 0,32 e 0,37 (peso aos 120 dias), 0,28, 0,35 e 0,35 (peso aos 240 dias) e 0,14, 0,18 e 0,18 (peso aos 420 dias) nas classes de baixo, médio e alto desvio-padrão, respectivamente. As correlações genéticas entre o mesmo peso, nas classes de baixo e alto desvio-padrão foram inferiores a 0,80. As correlações entre os valores genéticos, obtidos de análises múltiplas e de análise geral (sem as classes), foram superiores a 0,93. Observou-se que os reprodutores seriam classificados de forma similar se for considerada ou não a presença de variâncias heterogêneas nas análises.

Palavras-chave: componente de variância, heterogeneidade de variância, interação genótipo-ambiente, parâmetros genéticos

### ABSTRACT

Data from Tabapuã beef cattle were used to study the influence of variance heterogeneity on genetic evaluation. Adjusted weights at 120, 240 and 420 days of age were classified in three classes of standard deviation: low (<14.9kg), medium (14.9 to 18.9kg) and high (>18.9kg), based on phenotypic standard deviation of the weight at 120 days of age of the contemporary groups. Multiple trait analyses, considering each class of phenotypic standard deviation as a distinct trait, were performed. The genetic and residual variances increased as the phenotypic standard deviation of the class increased. Heritabilities for low, medium and high phenotypic standard deviation classes were 0.26, 0.32 and 0.37 (weight at 120 days), 0.28, 0.35 and 0.35 (weight at 240 days) and 0.14, 0.18 and 0.18 (weight at 420 days), respectively. Genetic correlations between the same weight, in low and high phenotypic standard

*deviation classes were lower than 0.80. The correlation between the breeding values, obtained from multiple trait analyses, and from general analyses (without classes), were greater than 0.93. It was observed that sires would be classified in similar way considering or not considering the heterogeneity of variances in the analyses.*

*Keywords: genetic-environment interaction, genetic parameters, heterogeneity of variances, variance components*

## INTRODUÇÃO

As avaliações genéticas em bovinos de corte e de leite são, geralmente, realizadas em âmbito nacional e abrangem registros de produção obtidos de rebanhos que apresentam grande variação de região geográfica, manejos alimentar e sanitário e diferenças genéticas. Por essa razão, os rebanhos chegam a diferir muito na média de produção e na variância fenotípica das principais características de importância econômica.

Nessas condições, até mesmo os procedimentos de avaliação genética que produzem soluções com propriedades de melhor predição linear não-viesada (BLUP) estão sujeitos a erros que podem comprometer o progresso genético esperado pela seleção, quando realizada entre rebanhos. Segundo Henderson (1984) e Gianola (1986), a utilização do BLUP, mediante metodologia de modelos mistos, acomoda a heterogeneidade de variâncias, no entanto, seria necessário que os verdadeiros componentes de variâncias, no estrato heterogêneo, fossem conhecidos, o que é raro ocorrer.

Segundo van Vleck (1987), se as variâncias genéticas e residuais e as covariâncias fossem conhecidas em cada rebanho ou no ambiente representado por um conjunto de rebanhos, a seleção, com base nos resultados obtidos das análises de características múltiplas em modelos mistos, produziria uma avaliação de qualidade que poderia ser usada para selecionar otimamente touros ou vacas para produzirem em rebanhos ou em ambientes específicos.

Vários pesquisadores têm afirmado que a presença de variâncias heterogêneas influencia, negativamente, as acurácias dos valores genéticos. Visscher e Hill (1992) evidenciaram que em análises com modelo animal, em que diferentes tipos de parentes contribuem para a predição do valor genético, não é tão óbvia a perda em acurácia se a heterogeneidade de variâncias for ignorada.

Com raras exceções, as herdabilidades geralmente têm mostrado valores mais elevados nos rebanhos de maior produção do que nos de baixa produção (Hill et al., 1983; Dong, Mao, 1990). De acordo com Meinert et al. (1988), as características com menor herdabilidade, possivelmente por apresentarem maior porcentagem de variância ambiental, são mais afetadas por práticas de manejo e sofrem maior interferência da heterogeneidade de variâncias.

Segundo Vinson (1987), o reconhecimento inicial de diferenças em herdabilidade, de acordo com a média de produção do rebanho, indica também o envolvimento de efeitos genéticos na heterogeneidade de variâncias entre rebanhos. Alta herdabilidade em rebanhos com alta média de produção, freqüentemente, tem sido explicada como resultado do melhor ambiente, possibilitando a “melhor expressão do verdadeiro potencial genético”.

Resultados de pesquisa, especialmente com gado de leite, têm mostrado que a desconsideração das diferenças de variabilidade entre rebanhos, ou mesmo entre outros níveis de estratificações dos dados adotadas, tem levado à concentração de animais selecionados nos rebanhos, com expressão de maior variabilidade fenotípica. Dentre as alternativas propostas para solucionar o problema de variâncias heterogêneas, o agrupamento dos dados, com base em algum critério e posteriores análises de características múltiplas, como fizeram Hill et al. (1983), tem por princípio (Falconer, 1952) considerar a expressão de um genótipo como característica distinta, em diferentes ambientes.

### *Influência da heterogeneidade de variâncias...*

Neste estudo objetivou-se avaliar a influência de variâncias genéticas e residuais heterogêneas sobre as estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos de corte da raça Tabapuã, mediante o uso de técnica de divisão dos dados em subclasses mais homogêneas.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Os dados analisados são procedentes do controle de desenvolvimento ponderal dos rebanhos de bovinos Tabapuã, os quais compõem o Arquivo de Escrituração Zootécnica Nacional da raça, pertencente à Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). O gerenciamento dos dados é feito pela Embrapa Gado de Corte, em convênio com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

No arquivo original com 45.558 registros de pesos de animais, filhos de touros e vacas com idades conhecidas (vacas com idade até 22 anos), nascidos nos anos de 1975 a 1998 e criados exclusivamente no pasto, considerou-se como característica-âncora para a edição dos dados o peso corrigido aos 120 dias de idade. Como características avaliadas utilizaram-se os pesos padronizados às idades de referência, ou seja, para a pré-desmama, desmama e pós-desmama os pesos foram corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, respectivamente.

Nas análises foram utilizados os mesmos grupos de contemporâneos formados para a avaliação genética realizada pela Embrapa Gado de Corte, divulgada no sumário de touros da raça Tabapuã, no ano de 2000. Nos grupos de contemporâneos foram considerados os efeitos fixos de sexo, de rebanho e do ano e estação de nascimento dos animais. Os meses de nascimento foram agrupados em estações 1 e 2, que correspondem aos meses de menor e maior incidência de chuvas (de abril a setembro e de outubro a março), respectivamente.

No arquivo original utilizou-se o desvio-padrão fenotípico do peso corrigido aos 120 dias de idade dos grupos de contemporâneos como critério para estratificar os dados em três classes distintas. A classe de baixo desvio-padrão correspondeu aos dados cujos desvios-padrão foram menores que 14,9kg. Na classe de médio desvio-padrão fenotípico, esse valor foi maior ou igual a 14,9kg e menor que 18,9kg, e na classe de alto desvio-padrão fenotípico, maior ou igual a 18,9kg. Após formadas as classes, foram impostas as seguintes restrições aos dados: o grupo de contemporâneo deveria apresentar, no mínimo, seis registros e cada pai deveria apresentar, no mínimo, três filhos em pelo menos duas das três classes de desvio-padrão. O número de registros, de grupos de contemporâneos e de reprodutores no arquivo total e no de cada classe de desvio-padrão é apresentado na Tab. 1.

Tabela 1. Número de registros, de grupos de contemporâneos e de reprodutores para pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, obtido após utilização das restrições nos dados originais na formação das classes de desvio-padrão fenotípico, em animais da raça Tabapuã

Peso	Item	Classe de desvio-padrão fenotípico			Total
		Baixo	Médio	Alto	
120 dias de idade	Número de registros	11.825	11.603	12.050	35.478
	Grupos de contemporâneos	249	194	320	763
	Número de reprodutores	394	421	369	478
240 dias de idade	Número de registros	11.650	11.201	11.452	34.303
	Grupos de contemporâneos	245	193	313	751
	Número de reprodutores	394	421	368	478
420 dias de idade	Número de registros	9.147	8.766	8.979	26.892
	Grupos de contemporâneos	228	181	295	704
	Número de reprodutores	387	407	365	476

As observações de cada peso corrigido são descritas pelo modelo:

$$y_{ij} = \mu + h_i + a_{ij} + b_1(w_{ij} - \bar{w}) + b_2(w_{ij} - \bar{w})^2 + e_{ij}, \text{ em que:}$$

$y_{ij}$  = peso corrigido para a idade-padrão;

$\mu$  = constante inerente a toda observação;

$h_i$  = efeito fixo do grupo de contemporâneo  $i$ ;

$a_j$  = efeito aleatório associado ao valor genético aditivo direto do animal  $j$ , do grupo contemporâneo  $i$ ;

$w_{ij}$  = idade ao parto da mãe do animal  $j$ , do grupo contemporâneo  $i$ ;

$\bar{w}$  = média da idade das mães ao parto;

$b_1$  e  $b_2$  = coeficientes de regressão linear e quadrático do peso do animal em função da idade da mãe ao parto, respectivamente;  $e$

$e_{ij}$  = efeito aleatório residual associado a cada observação.

A matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM), utilizada em todas as análises, foi obtida do arquivo com pedigree de 46.296 animais diferentes, 312 dos quais eram endogâmicos, o que levou a um coeficiente médio de endogamia de 0,11%.

Em notação matricial, o modelo para as análises conjuntas que consideram o mesmo peso em cada classe de desvio-padrão fenotípico como características diferentes pode ser reescrito como

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix}, \quad X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix}, \quad \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix},$$

$$a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix}, \quad Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix}, \quad e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$y_1$  = peso corrigido, analisado na classe de baixo desvio-padrão fenotípico;

$y_2$  = peso corrigido, analisado na classe de médio desvio-padrão fenotípico;

$y_3$  = peso corrigido, analisado na classe de alto desvio-padrão fenotípico.

Matricialmente, o modelo estatístico é o seguinte:

$$y_i = X\beta_i + Z a_i + e_i, \text{ em que:}$$

*Influência da heterogeneidade de variâncias...*

$y_i$  = vetor,  $n_i \times 1$ , dos  $n$  valores do peso corrigido para as idades-padrão, nas classes de desvio-padrão  $i$ , em que  $i$  = baixo, médio e alto desvios-padrão;

$X$  = matriz,  $n_i \times f$ , de incidência dos níveis de efeitos fixos nas classes de desvio-padrão  $i$ ;

$\beta_i$  = vetor,  $f \times 1$ , de efeitos fixos na classe  $i$ ;

$Z$  = matriz diagonal,  $n_i \times n_i$ , de incidência dos valores genéticos diretos, contendo "1" na classe  $i$ ;

$a_i$  = vetor,  $n_i \times 1$ , de valores genéticos dos animais na classe  $i$ ;

$n_i$  = número de dados na classe  $i$ ;

$e_i$  = vetor de resíduos com as mesmas dimensões de  $y_i$ .

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

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}, \text{ em que:}$$

$$V = ZGZ' + R, \quad G = A \otimes G_0 \quad \text{e} \quad R = I_n \otimes R_0, \text{ sendo}$$

$A$  = matriz,  $n \times n$ , do numerador do coeficiente de parentesco entre os  $n$  animais;

$G_0$  e  $R_0$  = matrizes,  $q \times q$ , de covariâncias genéticas diretas e variâncias residuais, respectivamente, entre as  $q$  características;

$\otimes$  = operador produto-direto (Searle, 1971).

$$\text{Assim, } G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} & \sigma_{a13} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 & \sigma_{a23} \\ \sigma_{a31} & \sigma_{a32} & \sigma_{a33}^2 \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$\sigma_{a11}^2$  = variância genética aditiva da característica  $i$ ,

$\sigma_{a1j}$  = covariância genética aditiva entre as características  $i$  e  $j$ ;

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{e22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{e33}^2 \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$\sigma_{e11}^2$  = variância residual da característica  $i$ .

Nas análises utilizou-se o modelo animal em análise de característica única geral, que desconsideram as diferenças de variâncias entre as classes de desvio-padrão fenotípico, e de características múltiplas, em que o peso, nas diferentes classes de desvio-padrão, foi considerado como característica diferente. As estimativas de componentes de covariâncias e as predições dos valores genéticos foram obtidas pelo uso do programa *Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*, descrito por Boldman et al. (1995). Adotou-se como critério de convergência a variância dos valores da função  $-2 \log \lambda$ , do *simplex*, como sendo menor que  $10^{-9}$ .

Foram calculadas as correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores presentes, simultaneamente, no arquivo usado nas análises de característica única geral e nos arquivos das análises com o mesmo peso em cada classe de desvio-padrão.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas descritivas (médias e desvios-padrão fenotípicos) dos pesos na pré-desmama, corrigidos aos 120 dias, na desmama, aos 240 dias, e na pós-desmama, aos 420 dias, no conjunto de dados das classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos e para os dados que desconsideram a formação dessas classes, estão na Tab. 2.

Tabela 2. Médias e desvios-padrão fenotípicos dos pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, em cada classe de desvio-padrão e nos conjuntos de dados sem considerar a formação das classes, em animais da raça Tabapuã

Peso corrigido	Item	Classe de desvio-padrão fenotípico			
		Baixo	Médio	Alto	Total
120 dias de idade	Média (kg)	115,11	117,50	121,19	117,96
	Desvio-padrão	16,69	18,49	22,56	19,59
240 dias de idade	Média (kg)	192,26	193,87	194,99	193,69
	Desvio-padrão	29,41	31,52	32,79	31,28
420 dias de idade	Média (kg)	241,59	244,49	250,04	245,36
	Desvio-padrão	35,48	38,26	39,26	37,84

A estratégia usada neste estudo para agrupar os dados em três classes, segundo os desvios-padrão fenotípicos dos grupos de contemporâneos, resultou em comportamento similar para as médias dos três pesos estudados, constatando-se acréscimo à medida que o desvio-padrão fenotípico das classes aumentava. Essa indicação aparente da correlação entre médias e variâncias é similar ao que também foi observado, para características de produção em gado de leite, por Hill et al. (1983), Garrick e van Vleck (1987), Torres et al. (2000) e Araújo (2000), em estudos com metodologias similares à adotada nesta pesquisa.

Na Tab. 3 estão as variâncias genética e residual obtidas de análises de múltiplas características com cada peso nas três classes de desvio-padrão fenotípico, tratado como características diferentes. Os valores dos componentes de variâncias genética e residual cresceram da classe de baixo para a de alto desvio-padrão fenotípico, o que confirma que maiores médias de pesos associaram-se a maiores variâncias aditiva e residual nas três diferentes idades. Estes resultados são similares aos que têm sido constatados para produção de leite e teor de gordura em várias pesquisas, nas quais, por meio de análises múltiplas, foi tratada a expressão genética em diferentes níveis de produção como diferentes características correlacionadas (Hill et al., 1983; Araújo, 2000; Marion et al., 2000).

Nas diagonais principais da Tab. 4 estão os valores de herdabilidade e abaixo delas os de correlações genéticas, para um mesmo peso presente nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variâncias aditiva direta ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), obtidas de análises de múltiplas características, em que o peso é considerado característica distinta nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, em animais da raça Tabapuã

Classe	Peso corrigido para idade-padrão					
	120 dias		240 dias		420 dias	
	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
Baixo	46,320	131,547	185,176	468,457	124,365	760,551
Médio	82,389	175,509	260,307	478,840	179,657	840,246
Alto	146,261	249,777	299,653	545,984	191,295	849,343

### Influência da heterogeneidade de variâncias...

Tabela 4. Estimativas de herdabilidade e de correlação genética, obtidas em análises de múltiplas características para cada peso nas classes de baixo (B), médio (M) e alto (A) desvios-padrão fenotípicos, em animais da raça Tabapuã

Classes	Peso corrigido para idade-padrão								
	120 dias			240 dias			420 dias		
	B	M	A	B	M	A	B	M	A
Baixo	0,26			0,28			0,14		
Médio	0,87	0,32		0,84	0,35		0,95	0,18	
Alto	0,70	0,81	0,37	0,74	0,74	0,35	0,76	0,81	0,18

Herdabilidades nas diagonais e correlações genéticas abaixo das diagonais.

No peso corrigido aos 120 dias de idade, os valores de herdabilidades (Tab. 4) aumentaram de modo similar ao aumento observado nas variâncias genética e residual (Tab. 3), o que indica acréscimo proporcional entre essas variâncias. Maiores estimativas de herdabilidade em rebanhos com maiores médias de produção, freqüentemente, têm sido observadas (Dong, Mao, 1990). A explicação para tal fato é que melhores condições de manejo possibilitariam melhor expressão do verdadeiro potencial genético dos animais (Vinson, 1987). No entanto, essa proporcionalidade, apresentada no acréscimo das variâncias, discorda dos resultados obtidos por Torres (1998), que encontrou valor de herdabilidade na classe de alto desvio-padrão fenotípico semelhante ao da classe de baixo desvio-padrão, e em ambas, menor que o valor na classe de médio desvio-padrão fenotípico.

Ao se analisarem, simultaneamente, os componentes de variâncias genética e residual e a herdabilidade do peso aos 120 dias de idade (Tab. 3 e 4), verifica-se que os resultados parecem adequar-se bem aos cenários de possíveis manifestações de heterogeneidade de variâncias, segundo algumas pressuposições apresentadas por Henderson (1984) e discutidas por Visscher (1991) e Visscher e Hill (1992), para os quais as variâncias genética aditiva e residual mudam, simultaneamente, entre ambientes, razão pela qual as herdabilidades também são variáveis.

Foram constatados indicadores importantes da presença de heterogeneidade de variâncias nos pesos na desmama e na pós-desmama. Houve tendência de acréscimo nos valores de herdabilidade, à semelhança do que foi constatado no peso aos 120 dias de idade, apesar de os valores nas classes de médio e alto desvios-padrão terem sido iguais. Visscher (1991) e Visscher e Hill (1992), ao discutirem cenários de heterogeneidade de variâncias, admitiram também que as variâncias genética aditiva e residual mudaram, simultaneamente, entre ambientes, apesar de as herdabilidades não terem variado. É relevante considerar que, segundo van Vleck (1987), é mais importante o comportamento dos valores de herdabilidade do que os das variâncias fenotípicas nos diferentes ambientes.

O valor obtido da correlação entre as classes de baixo e alto desvio padrão-fenotípico foi 0,70 para peso corrigido aos 120 dias de idade (Tab. 4), relativamente menor que os encontrados em outras pesquisas dessa natureza com gado de leite (Garrick, van Vleck, 1987; Dong, Mao, 1990). Mascioli et al. (2000), ao utilizarem metodologia similar, obtiveram correlação genética igual a 0,87 e concluíram que havia indícios de interação genótipo-ambiente em características de crescimento em gado de corte.

De acordo com Falconer (1989), nesse tipo de pesquisa, correlações genéticas iguais a unidade implicam em ausência de interação genótipo-ambiente. Estatisticamente, embora não tenha sido testado se as correlações diferiram da unidade, pressupondo-se que as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico representassem, dentro de certos limites, condições distintas de manejo (ambientes) na população amostrada, os resultados obtidos, provavelmente, indicam a expressão de conjuntos gênicos diferentes em cada situação. Portanto, se a seleção fosse realizada com base em registros de peso corrigido aos 120 dias de idade, provenientes de situação de manejo que resultasse em menor média de produção, haveria maior chance de se priorizar a capacidade de adaptação aos ambientes do que ao potencial genético dos animais.

Com relação aos pesos corrigidos aos 240 e 420 dias de idade (Tab. 4), observa-se relativa similaridade no comportamento dos valores de herdabilidade e das correlações. Em ambos os pesos, houve tendência de acréscimo nos valores de herdabilidade, à semelhança do que foi constatado no peso corrigido aos 120 dias, entretanto, os valores foram iguais nas classes de médio e alto desvios-padrão fenotípicos. Os valores das correlações entre as classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos foram 0,74 e 0,76, nos pesos corrigidos aos 240 e 420 dias de idade, respectivamente. Ao discutirem cenários de heterogeneidade de variâncias, Henderson (1984) e Visscher e Hill (1992) admitiram que as variâncias genética aditiva e residual mudavam, proporcionalmente, entre ambientes, embora as herdabilidades não variassem.

Nos pesos na desmama e na pós-desmama também ficou bem caracterizada a presença de heterogeneidade de variâncias, dado o comportamento das variâncias e das herdabilidades nas classes de desvio-padrão fenotípico. As correlações genéticas entre os pesos representativos dessas fases da vida dos animais, nas classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos, também foram indícios de que podem ser recomendadas proposições e justificativas similares àquelas apresentadas para o peso na pré-desmama.

Na Tab. 5 são apresentadas as correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores preditos com componentes de variâncias, obtidos de análises de múltiplas características, sendo cada peso nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico considerado característica diferente.

As correlações de Pearson, para os valores genéticos dos reprodutores, entre as classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos foram 0,79, 0,83 e 0,83 para pesos aos 120, 240 e 420 dias de idade, respectivamente. Os valores das correlações de Spearman foram de 0,79, 0,83 e 0,83 para a mesma seqüência de características. As correlações de Pearson indicaram, à semelhança do que foi constatado com base nas correlações genéticas (Tab. 4), que, provavelmente, bases genéticas diferentes atuam na expressão desses pesos, nas situações de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos. As correlações de Spearman mostraram que os reprodutores não seriam classificados, de forma similar, mais especificamente nas classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos, discordando do que foi observado por Torres et al. (2000), em gado de leite.

Tabela 5. Correlações de Pearson e de Spearman, obtidas a partir de análises de múltiplas características, entre os valores genéticos dos reprodutores, para cada peso nas classes de baixo (B), médio (M) e alto desvios-padrão fenotípicos, em animais da raça Tabapuã

Peso corrigido	Classe	Correlação de Pearson		Correlação de Spearman	
		Médio	Alto	Médio	Alto
120 dias	B	0,94	0,79	0,93	0,79
	M		0,87		0,87
240 dias	B	0,90	0,83	0,90	0,83
	M		0,81		0,80
420 dias	B	0,90	0,83	0,89	0,83
	M		0,81		0,79

Na Tab. 6 estão as médias e os desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores presentes nos arquivos de cada classe formada. Tanto as médias como os desvios-padrão dos valores genéticos elevaram-se com o aumento do desvio-padrão fenotípico das classes, o que mostra tendência de os animais com maior valor genético estarem associados a situações de maior variabilidade fenotípica. Este resultado é semelhante aos observados em características de produção em gado de leite, em que vacas classificadas como elite apareceram com maior freqüência nos rebanhos de maior variabilidade (Dong, Mao, 1990; Meuwissen, van der Werf, 1993; Araújo, 2000).

Na Tab. 7 são apresentadas as correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidos de análises de característica única, desconsiderando-se as classes de desvio-padrão

### Influência da heterogeneidade de variâncias...

fenotípico, e de análises de múltiplas características, considerando o peso como característica distinta nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico.

Tabela 6. Médias e desvios-padrão do valor genético dos reprodutores presentes nos arquivos das classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos

Classe de desvio- padrão	Peso corrigido aos 120 dias de idade		Peso corrigido aos 240 dias de idade		Peso corrigido aos 420 dias de idade	
	Média	Desvio-padrão	Média	Desvio-padrão	Média	Desvio-padrão
Baixo	0,97	4,64	2,01	8,37	1,99	8,41
Médio	1,33	6,17	2,45	10,28	2,45	10,25
Alto	2,08	7,82	2,65	11,09	2,49	11,05

Tabela 7. Correlações de Pearson e de Spearman entre o valor genético dos reprodutores, obtidos de análises de característica única geral e de análises de múltiplas características com pesos nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, considerados como características distintas

	Valor genético					
	Correlação de Pearson entre as classes de desvio-padrão			Correlação de Spearman entre as classes de desvio-padrão		
	Baixo	Médio	Alto	Baixo	Médio	Alto
Peso aos 120 dias de idade	0,93	0,96	0,96	0,93	0,96	0,96
Peso aos 240 dias de idade	0,96	0,95	0,95	0,96	0,94	0,99
Peso aos 420 dias de idade	0,98	0,99	0,97	0,99	0,99	0,97

Nessas análises não foram verificadas grandes diferenças entre os valores das correlações de Pearson e de Spearman, e os valores obtidos nos três diferentes pesos foram relativamente altos, superiores a 0,93. Portanto, pode-se afirmar que se a heterogeneidade de variâncias fosse desconsiderada, a redução esperada no progresso genético, mediante seleção, poderia ser de pequena magnitude. Estes resultados estão de acordo com os obtidos em gado de leite por Garrick e van Vleck (1987) e Torres et al. (2000).

## CONCLUSÕES

Apesar de as variâncias genética e residual, das herdabilidades e das médias e desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores terem aumentado com o aumento do desvio-padrão fenotípico da classe, a heterogeneidade de variâncias não causou mudança na ordem de classificação dos reprodutores da raça Tabapuã.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, C.V. *Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa*. 2000. 80p. Tese (Mestrado). Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. *A manual for use of MTDFREML: A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)*. Lincoln: Department of Agriculture/ Agriculture Research Service, 1995. 120p.
- 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. *J. Dairy Sci.*, v.73, p.843-851, 1990.

- FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetic*. 2.ed. New York: Longman, 1989. 340p.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *Am. Nature*, v.86, p.293-298, 1952.
- GARRICK, D.J., VAN VLECK, L.D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. *J. Anim. Sci.*, v.65, p.409-421, 1987.
- GIANOLA, D. Selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. *Theor. Appl. Genet.*, v.72, p.671-677, 1986.
- HENDERSON, C.R. *Application of linear models in animal breeding*. Ontario: University of Guelph, 1984. 462p.
- HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K.A. et al. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Anim. Prod.*, v.36, p.59-68, 1983.
- MARION, A.E.; RORATO, P.R.N.; EVERLING, D.M. et al. Estudo da heterogeneidade de variâncias para produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Rio Grande do Sul. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. *Anais...Viçosa: SBZ*, 2000. p.227.
- MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. et al. Interação genótipo x ambiente para características de crescimento até os 12 meses de idade em bovinos Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. *Anais...Viçosa: SBZ*, 2000. p.238.
- MEINERT, T.R.; PEARSON, R.E.; VINSON, W.E. et al. Prediction of daughter's performance from dam's cow index adjusted for within-herd variance. *J. Dairy Sci.*, v.71, p.2220-2231, 1988.
- MEUWISSEN, T.H.E.; van der WERF, J.H.J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. *Livest. Prod. Sci.*, v.33, p.31-41, 1993.
- SEARLE, S. R. *Linear models*. New York: John Wiley & Sons. 1971. 532 p.
- TORRES, R.A. *Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil*. 1998. 124p. Tese (Doutorado). Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, MG.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.; COSTA, C.N. et al. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.*, v.29, p.1050-1059, 2000.
- van VLECK, L.D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. *J. Dairy Sci.*, v.70, p.337-344, 1987.
- VINSON, W.E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. *J. Dairy Sci.*, v.70, p.2450-2455, 1987.
- VISSCHER, P.M. On the estimation of variances within herd-mean production groups. *J. Dairy Sci.*, v.74, p.1987-1992, 1991.
- VISSCHER, P.M.; HILL, W.G. Heterogeneity of variance and dairy cattle breeding. *Anim. Prod.*, v.55, p.321-329, 1992.