

Heterogeneidade de Variância e Avaliação Genética de Bovinos da Raça Holandesa no Brasil¹

Robledo de Almeida Torres², José Aurélio Garcia Bergmann³, Claudio Napolis Costa⁴, Carmem Silva Pereira³, Jose Valente⁴, Vania Maldini Penna³, Rodolpho de Almeida Torres Filho⁵, Cláudio Vieira de Araújo⁵

RESUMO - Dados de 109.200 lactações foram utilizados para verificar o efeito da heterogeneidade de variância sobre a avaliação genética de vacas e touros da raça Holandesa criados no Brasil. A produção total de leite ajustada para idade adulta foi usada para classificar os rebanhos em três classes de desvio-padrão fenotípico: baixo (<1427 kg), médio (entre 1427 kg e 1625 kg) e alto (>1625 kg). Dados das primeiras lactações foram analisados considerando a produção total de leite ajustada para idade adulta (TOTAJU) e produção total de leite ajustada para idade adulta e para 305 dias de lactação (TAJU305). As produções de leite médias e os componentes de variância genética, residual e fenotípica aumentaram com o aumento do desvio-padrão da classe. Para as classes de baixo e médio, baixo e alto e médio e alto desvios-padrão, as correlações genéticas foram 0,97; 0,89; e 0,91 para TOTAJU e 0,97; 0,92; e 0,96 para TAJU305, respectivamente. As correlações entre os valores genéticos para as classes de baixo, médio e alto desvios-padrão obtidos nas análises conjuntas (considerando como diferentes a expressão da característica nas três classes) e os obtidos na análise geral (todas as classes como única característica) foram próximas à unidade. Entretanto, os reprodutores apresentaram maiores valores genéticos em rebanhos das classes de alto desvio-padrão. Na avaliação genética, é importante considerar a variabilidade entre rebanhos, pois, sob seleção, as classes mais variáveis contribuíram com a maior parte dos animais, e a avaliação genética do animal poderia ser função não apenas do seu potencial genético, mas também do ambiente no qual suas progênes expressaram a característica.

Palavras-chave: bovinos de leite, componente de variância, parâmetro genético

Heterogeneity of Variance and Genetic Evaluation of Holstein Cattle in Brazil

ABSTRACT - Data of 109.200 lactations were used to verify the effects of heterogeneity of variance on genetic evaluation of cows and bulls of Holstein breed raised in Brazil. Total milk production adjusted for adult age was used to classify the herds among three classes of phenotypic standard deviation: Low (<1427 kg), medium (between 1427 kg and 1625 kg) and high (>1625 kg) classes. Records from the first lactation were analyzed for total milk production adjusted for adult age (TOTAJU) and for adult age and 305-day lactation length (TAJU305). Milk yield means, and genetic, residual and phenotypic variance components increased from the low to the high standard deviation classes. Genetic correlation's among milk production were .97, .89, .91 for TOTAJU and .97, .92, .96 for TAJU305, respectively, between low and medium, low and high and medium and high classes. Correlation's among genetic values for the low, medium and high standard deviation classes obtained from multitrait analyses (considering the expression of the trait in the three classes as different) and those obtained from the general univariate analysis (all classes as a unique trait), were all close to one. However, the bulls presented high genetic values in herds from high standard deviation classes. In genetic evaluation programs, it is important to consider differences in variability among herds, otherwise, under selection, the most variables herds would contribute with the majority of the animals, and the genetic evaluation of the animals could be more a function not only from its genetic potential, but also from its environment where the progenies expressed their traits.

Key Words: dairy cattle, genetic parameter, variance component

Introdução

A possibilidade da existência de heterogeneidade de variância em relação ao ambiente não é nova para os melhoristas. LUSH (1945) recomendou que os animais deveriam ser avaliados nos ambientes em que seriam usados. HAMMOND (1947) concluiu

que, para maior acurácia, a seleção deveria ser praticada em ambientes melhores, devido à maior expressão dos genes de interesse. FALCONER (1952) introduziu o conceito de correlação genética entre as manifestações fenotípicas da mesma característica em ambientes diferentes. ROBERTSON et al. (1960) identificaram a necessidade de detectar se

¹ UFV/UFMG/EMBRAPA/PICD-CAPEB.

² Professor da UFV.

³ Professor da UFMG.

⁴ Pesquisador da EMBRAPA-CNPGL.

⁵ Aluno de Pós-graduação da UFV.

as herdabilidades difeririam entre os ambientes e se a classificação dos touros seria influenciada.

Se a heterogeneidade de variância for ignorada, embora ela exista, a produção das filhas de determinado reprodutor será ponderada na proporção dos desvios-padrão dos rebanhos nos quais essas filhas foram criadas. O resultado é que as produções das filhas, oriundas de rebanhos 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 seria reduzida, em razão da não-consideração destas diferenças.

A estimação de componentes de variância para gado de leite tem incluído pesquisas sobre homogeneidade de variância entre classes de rebanho-ano-estação. Ainda que o número de dados em cada rebanho-ano-estação seja, geralmente, insuficiente para realizar a estimação de componentes de variância dentro de rebanho, rebanhos similares têm sido agrupados e os componentes, obtidos, separadamente, para cada grupamento (HILL et al., 1983; MIRANDE e VAN VLECK, 1985). Estes e outros estudos evidenciaram a existência de heterogeneidade de variâncias entre ambientes.

Assumindo que diferenças genéticas aditivas são causadoras de parte das diferenças em variação entre rebanhos, este estudo objetivou verificar o efeito da heterogeneidade de variância da produção de leite entre rebanhos sobre a avaliação genética e a classificação de vacas e touros da raça Holandesa, no Brasil.

Material e Métodos

Com o propósito de caracterizar a heterogeneidade de variância entre rebanhos, 109.200 dados de produção total de leite ajustada para idade adulta (vacas de 73 a 78 meses de idade, após a segunda lactação parindo na estação de abril a junho), de ordem de parto de um a cinco, foram usados para estimar os desvios-padrão fenotípicos para classe rebanho-ano. Requeru-se que as classes rebanho-ano tivessem, no mínimo, 10 observações para minimizar variâncias de amostragem, resultando em 771 rebanhos e 3106 classes rebanho-ano, com média dos desvios-padrão fenotípicos de 1489 kg de leite. O desvio-padrão de

cada rebanho foi usado para classificá-lo em uma das três classes de desvio-padrão fenotípico: baixo (<1427 kg), médio (entre 1427 kg e 1625 kg) e alto (>1625 kg). Após definidas as classes de desvio-padrão fenotípico, os dados que incluíam apenas as primeiras lactações de vacas, com produções entre 1980 e 1993, foram selecionados. Edições adicionais nos dados exigiram, no mínimo, três observações por classe rebanho-ano e, no mínimo, três filhas por reprodutor em dois diferentes rebanhos.

Foram analisadas 36.755 primeiras lactações, 11.713 na classe de desvio-padrão baixo, 12.764 na classe de desvio-padrão médio e 12.278 na classe de desvio-padrão alto (Tabela 1).

O modelo utilizado nas análises conjuntas das três características (expressão da produção de leite em cada uma das três classes de rebanho) incluiu o efeito de grupo genético (Puro de origem ou composição genética $\geq 31/32$ Holandês), de rebanho-ano e efeito aleatório de animal. As observações da produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta, utilizando fatores de ajustamento multiplicativos para ordem-idade-estação, gerados a partir da própria estrutura dos dados, e a produção de leite total ajustada para idade adulta e para 305 dias de duração de lactação, dentro de cada classe de desvio-padrão fenotípico, utilizando fatores de ajustamento multiplicativos, gerados a partir da própria estrutura dos dados, foram descritas pelo seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + h_i + g_j + a_{ijk} + e_{ijk}$$

em que

Y_{ijk} = produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta ou ajustada para idade adulta e para 305 dias de lactação;

μ = média geral;

h_i = efeito fixo da classe rebanho-ano i;

g_j = efeito fixo do grupo genético j;

a_{ijk} = efeito aleatório associado ao valor genético aditivo direto de animal, com média 0 e variância σ_a^2 ;

e_{ijk} = efeito aleatório residual associado à observação de animal, do grupo genético j, observado no rebanho-ano i, com média 0 e variância σ_e^2 .

Os dados foram inicialmente analisados em modelos com característica única para obtenção dos componentes de variância e dos valores genéticos dos reprodutores no conjunto dos dados, para as características de produção total de leite na primeira lactação ajustada para a idade adulta e produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta e para 305 dias de lactação, sem considerar as

Tabela 1 - Número de observações para rebanho-ano, rebanhos, reprodutores, lactações e produção total de leite ajustada e não-ajustada para idade adulta, para a primeira lactação, de acordo com a classe de desvio-padrão fenotípico, após restrições

Table 1 - Number of observation for herd-year, herds, sires, lactation and total first lactation milk production adjusted and not adjusted for adult age, according to three classes of phenotypic standard deviation

Item <i>Item</i>	Classe de desvio-padrão fenotípico <i>Phenotypic standard deviation classes</i>			
	Baixo <i>Low</i>	Médio <i>Medium</i>	Alto <i>High</i>	Geral <i>Total</i>
Rebanho-ano <i>Herd-year</i>	1083	925	812	2820
Rebanhos <i>Herds</i>	313	171	234	718
Reprodutores <i>Sires</i>	689	692	701	866
Lactações <i>Lactations</i>	11.713	12.764	12.278	36.755
Produção total de leite (kg) <i>Total milk production (kg)</i>				
Ajustada para idade adulta <i>Adjusted for adult age</i>	5827	6831	7289	6664
Não-ajustada para idade adulta <i>Not adjusted for adult age</i>	4906	5707	6076	5575

classes formadas, e, individualmente, dentro de cada classe de desvio-padrão fenotípico.

O modelo para obtenção de BLUP, pelas análises conjuntas das três características, destinado à avaliação genética dos animais, seria o mesmo utilizado nas análises de característica única, mas considerando a distribuição multivariada e a diversidade entre as fontes de heterogeneidade de variâncias residual e genética, da seguinte maneira:

$$\tilde{y} = \begin{bmatrix} \tilde{y}_1 \\ \tilde{y}_2 \\ \tilde{y}_3 \\ \tilde{} \end{bmatrix}, \quad X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix}, \quad \tilde{\beta} = \begin{bmatrix} \tilde{\beta}_1 \\ \tilde{\beta}_2 \\ \tilde{\beta}_3 \\ \tilde{} \end{bmatrix}$$

$$Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix}, \quad \tilde{a} = \begin{bmatrix} \tilde{a}_1 \\ \tilde{a}_2 \\ \tilde{a}_3 \\ \tilde{} \end{bmatrix}, \quad \tilde{e} = \begin{bmatrix} \tilde{e}_1 \\ \tilde{e}_2 \\ \tilde{e}_3 \\ \tilde{} \end{bmatrix}$$

\tilde{y}_1 = vetor da produção de leite na classe de desvio-padrão fenotípico baixo;

\tilde{y}_2 = vetor da produção de leite na classe de desvio-padrão fenotípico médio;

\tilde{y}_3 = vetor da produção de leite na classe de desvio-

padrão fenotípico alto; definindo o modelo animal como

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

em que

y_i é um vetor $n_i \times 1$, de n_i observações de produção de leite na classe de desvio-padrão i , $i = 1$ (baixo); 2 (médio) e 3 (alto);

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

β_i é um vetor $p \times 1$, de efeitos fixos da classe i ;

Z_i é uma matriz diagonal $n_i \times n_i$, de incidência dos valores genéticos, contendo "1" na classe i .

a_i é um vetor $n_i \times 1$, de valores genéticos dos animais da classe i ;

e_i é um vetor de resíduos das mesmas dimensões de y_i ;

e assumindo-se que y , a e e tenham distribuição

$$\text{normal multivariada, } \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ'+R & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que $G = A \otimes G_0$

sendo A uma matriz $n \times n$, do numerador do coeficiente de parentesco entre os indivíduos e G_0 , uma matriz $q \times q$, de variância e covariância genética aditiva entre as q características; e

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} & \sigma_{a13} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 & \sigma_{a23} \\ \sigma_{a31} & \sigma_{a32} & \sigma_{a33}^2 \end{bmatrix}$$

em que

σ_{a11}^2 é a variância genética aditiva da característica i e σ_{a1j} , a covariância genética aditiva entre as características i e j .

sendo

$$R = I \otimes R_0$$

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{e22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{e33}^2 \end{bmatrix}$$

em que

σ_{eii}^2 é a variância residual da característica i .

O sistema de equações do modelo mistos é:

$$\begin{bmatrix} X' R^{-1} X & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} X & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^o \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X' R^{-1} y \\ Z' R^{-1} y \end{bmatrix}$$

e sua solução é dada por

$$\beta^o = [X' R^{-1} X - X' R^{-1} Z (Z' R^{-1} Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1} X]^{-1} \\ [X' R^{-1} y - X' R^{-1} Z (Z' R^{-1} Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1} y]$$

$$\hat{a} = (Z' R^{-1} Z + G^{-1})^{-1} Z' R^{-1} (y - X \beta^o)$$

As análises foram realizadas pelo programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995), usando-se o modelo animal e o método da máxima verossimilhança restrita. Nas análises com características únicas, foi utilizada a versão do programa que permite a obtenção de erros-padrão aproximados das estimativas de herdabilidade.

Os valores genéticos dos reprodutores, obtidos em análise geral, sem considerar as classes de desvio-padrão fenotípico, e dentro de cada classe de desvio-padrão fenotípico, para as características produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta e produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta e para 305 dias de lactação, foram organizados em arquivo para obtenção das correlações de Pearson e Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores obtidos nas diversas análises de características única e múltiplas. Para obtenção das correlações entre valores genéticos, foi utilizado o programa SAEG (UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA - UFV, 1997).

Resultados e Discussão

Os rebanhos incluídos na classe de maior desvio-padrão fenotípico apresentaram maior média de produção de leite, confirmando a associação entre média e desvio-padrão dentro de rebanho. Os componentes de variância genética, residual e fenotípica aumentaram da classe de baixo para a de alto desvio-padrão (Tabelas 2 e 3). Para a característica produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta e para 305 dias de lactação, as estimativas tanto das herdabilidades quanto das correlações genéticas foram maiores do que para a característica produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta, com maior associação observada entre as classes de baixo e médio desvio-padrão (0,97), é provável que a padronização para a duração de lactação tenha removido variações de manejo e ambiente entre as três classes de desvios-padrão fenotípico, resultando em redução da variância residual. Todos os componentes de variância genética aditiva foram maiores que os obtidos em análises de característica única, à exceção da classe de alto desvio-padrão, que foi menor. Já os componentes de variância residual foram menores, o que levou a estimativas de herdabilidades maiores para as análises de múltiplas características, à exceção da classe de alto desvio-padrão, que foi ligeiramente menor. BOLDMAN e FREEMAN (1990) encontraram correlações genéticas próximas às deste estudo, de 0,99 (entre os níveis baixo e médio), 0,90 (entre os níveis baixo e alto) e 1,02 (entre os níveis médio e alto). As médias, os desvios-padrão, mínimos e máximos, e as amplitudes de valores genéticos dos reprodutores e das vacas, por classe de desvio-padrão fenotípico, estão nas Tabelas 4 e 5. As correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos obtidos nas análises de múltiplas características e os obtidos na análise geral foram próximas à unidade (Tabela 6). Essas correlações indicam que os reprodutores seriam classificados similarmente nas três classes de desvio-padrão. Entretanto, os reprodutores apresentaram maiores valores genéticos em rebanhos das classes de alto desvio-padrão.

Os efeitos da heterogeneidade de variância sobre a resposta à seleção dependem das diferenças em variância genética aditiva entre as classes e de suas relações com as variâncias fenotípicas. Dessa forma, a seleção pelo desempenho, sem considerar a variabilidade dentro de grupo, seria falha, pois, se a seleção for intensa, os grupos mais variáveis contribuiriam com a

Tabela 2 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) e de herdabilidades (h^2) e erros-padrão (E.P.), médias observadas (μ) e desvio-padrão (D.P.) para as características estudadas, em análises de característica única, nas classes de baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípico

Table 2 - Estimates of additive genetic (σ_a^2), residual (σ_e^2) and phenotypic (σ_p^2) variance components, heritability (h^2), standard errors (SE), means (μ) and standard deviation (SD) for the traits included in the univariate analysis for the low, medium and high standard deviation classes

	σ_a^2 (kg ²)	σ_e^2 (kg ²)	σ_p^2 (kg ²)	h^2	EP SE (kg)	m μ (kg)	DP SD (kg)
Classes Class	Produção de leite ajustada para idade adulta Milk production adjusted for adult age						
Geral ¹ General ¹	710.017,66	1.813.859,61	2.523.877,27	0,28	0,02	6.663,80	2.144,46
Baixo D.P. Low S.D.	411.565,56	1.241.056,98	1.652.622,53	0,25	0,03	5.826,66	1.850,38
Médio D.P. Medium S.D.	653.900,59	1.645.702,91	2.299.603,50	0,28	0,03	6.830,98	1.951,09
Alto D.P. High S.D.	924.077,41	2.592.645,46	3.516.722,87	0,26	0,03	7.288,61	2.335,68
	Produção de leite ajustada para idade adulta e para 305 dias de lactação Milk production adjusted for adult age and 305-day of lactation						
Geral ¹ General ¹	394.234,54	815.114,08	1.209.348,62	0,33	0,02	6.478,12	1.635,47
Baixo D.P. Low S.D.	217.731,83	578.850,61	796.582,44	0,27	0,03	5.766,35	1.448,06
Médio D.P. Medium S.D.	394.995,55	727.592,24	1.122.587,79	0,35	0,03	6.640,79	1.513,16
Alto D.P. High S.D.	490.043,24	1.168.428,55	1.658.471,80	0,30	0,03	6.988,04	1.689,96

¹Incluindo as classes de baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípico.

¹ Considering the low, medium and high phenotypic standard deviation classes.

maior parte dos animais. Isto, em outras palavras, caracterizaria a interação genótipo-ambiente, em que existe grande diferença de ambientes e pequena diferença genética, revelando a situação em que um grupo de reprodutores selecionados a partir de condições otimizadas de ambiente seria distribuído em ambientes totalmente distintos. Essa situação ilustra o caso típico observado na bovinocultura de leite, com grande comercialização de animais que foram selecionados para alta produção em ambientes diferentes.

De acordo com os resultados apresentados neste trabalho, para a média, os desvios-padrão e as amplitudes dos valores genéticos dos reprodutores, obtidos nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico, em análises de múltiplas características, observa-se que existe considerável superposição de intervalos de ocorrência da média, apesar de pequenas diferenças nas médias dos valores genético dos reprodutores entre as diferentes classes de desvio-padrão fenotípico (Tabela 4). A mesma tendência

também pode ser observada para fêmeas (Tabela 5). Se a seleção for intensa e as variâncias de rebanho diferirem entre rebanhos, a escolha de mães de touros entre rebanhos poderia resultar na seleção de animais que não seriam geneticamente os melhores, mas que tiveram suas produções expressas em rebanhos de elevada variância fenotípica.

A extensão do problema depende da origem da heterogeneidade. Quando esta é causada por fatores ambientais, então a avaliação genética dos animais pode estar mais sob influência do ambiente no qual são criados que de seu potencial genético. Se a heterogeneidade de variância resulta de fatores genéticos, então o problema pode não existir. O efeito da heterogeneidade de variância sobre as avaliações genéticas das fêmeas é potencialmente mais sério, pois estas, geralmente, expressam todas as suas produções em um único rebanho. O não reconhecimento da heterogeneidade de variância nas avaliações de fêmeas provocaria a tendência de

Tabela 3 - Estimativas dos componentes de variância e covariância genética e residual, de herdabilidades e de correlações genéticas envolvendo as características estudadas, expressas em rebanhos classificados de acordo com a classe desvio-padrão fenotípico, em análises de múltiplas características

Table 3 - Estimates of genetic and residual variances and covariances, heritability and genetic correlation for milk production expressed in herds classified according to the standard deviation classes and multitrait analyses

Classe Class	Produção total de leite ajustada para idade adulta Milk production adjusted for adult age			Produção total de leite ajustada para idade adulta e para 305 de lactação Milk production adjusted for adult age and 305-day of lactation		
	Baixo Low	Médio Medium	Alto High	Baixo Low	Médio Medium	Alto High
Classe de desvio-padrão fenotípico Phenotypic standard deviation classes						
Variâncias ¹ e covariâncias ¹ genética, kg ²						
Baixo Low	456.104,69	537.795,35	555.602,22	248.511,54	304.466,61	305.831,87
Médio Medium		674.002,83	694.510,16		398.598,57	405.026,13
Alto High			859.815,06			449.082,73
Variâncias ¹ e covariâncias ¹ residual, kg ²						
Baixo Low	1.208.038,34	0,00	0,00	555.596,95	0,00	0,00
Médio Medium		1.630.352,18	0,00		726.048,40	0,00
Alto High			2.642.421,83			1.200.540,46
Herdabilidades ² e correlações genéticas ²						
Baixo Low	0,27	0,97	0,89	0,31	0,97	0,92
Médio Medium		0,29	0,91		0,35	0,96
Alto High			0,25			0,27

¹ Variâncias na diagonal, covariâncias acima da diagonal.

¹ Variances on the diagonal, covariances above the diagonal.

² Herdabilidades na diagonal, correlações genéticas acima da diagonal.

² Heritability on the diagonal, genetic correlation above the diagonal.

favorecimento das fêmeas que produziram em rebanhos com elevada variância, ocorrendo o oposto em rebanhos com baixa variância (BROTHERSTONE e HILL, 1986).

No caso de reprodutores que têm seus valores genéticos obtidos com base na produção de suas filhas, a resposta à seleção seria também função do número de filhas utilizadas na avaliação do reprodutor, bem como dos ambientes em que elas foram criadas e da distribuição dessas filhas nos vários ambientes. Nesse sentido, na avaliação genética de reprodutores, torna-se importante considerar as condições de meio ambiente a que serão submetidos os seus descendentes, uma vez que a resposta em termos de produção está relacionada com essas condições.

A partir dos resultados obtidos, algumas

inferências podem ser feitas à luz da regressão dos valores genéticos obtidos para as classes de baixo (y_1), médio (y_2) e alto (y_3) desvios-padrão, a partir de análises de múltiplas características (reconhecendo e incorporando a heterogeneidade de variâncias), em função dos valores genéticos obtidos nas análises de característica única geral (x), desprezando-se as diferenças entre as classes de desvio-padrão e, conseqüentemente, a existência da heterogeneidade de variâncias. Essa regressão, em outras palavras, teria como variável dependente o mérito genético de reprodutores obtidos em avaliações genéticas, que poderiam ser consideradas mais adequadas, isto é, que incorporassem o conhecimento prévio da heterogeneidade de variância. Nessa avaliação, os reprodutores teriam méritos genéticos específicos

Tabela 4 - Número de touros, número médio de filhas, médias, desvios-padrão mínimos e máximos e amplitudes de valores genéticos de reprodutores, obtidos a partir de análises de múltiplas características das três classe de desvio-padrão fenotípico, e para análises de característica única

Table 4 - Average number of daughters, means, standard deviation, minimum, maximum and range of breeding values of sires predicted from multitrait analyses including the three classes of phenotypic standard deviation, and to univariate analyses

	Valores genéticos <i>Breeding values</i>			
	Classe de desvio-padrão <i>Phenotypic standard deviation classes</i>			Característica única <i>Univariate analyses</i>
	Baixo <i>Low</i>	Médio <i>Medium</i>	Alto <i>High</i>	
Número de touros <i>Number of sires</i>	689	692	701	866
Número médio de filhas <i>Average number of daughters</i>	13,4	15,6	14,8	35,1
Produção total de leite ajustada para idade adulta <i>Milk production adjusted for adult age</i>				
Média (kg) <i>Mean</i>	198,0	251,1	261,9	249,8
Desvio-padrão (kg) <i>Standard deviation</i>	471,1	577,5	619,8	589,7
Mínimo (kg) <i>Minimum</i>	-1.206,5	-1.486,1	-1.553,6	-1.742,5
Máximo (kg) <i>Maximum</i>	1.645,6	2.027,1	2.255,3	2.305,4
Amplitude (kg) <i>Range</i>	2.852,1	3.513,2	3.808,9	4.047,9
Produção total de leite ajustada para idade adulta e para 305 de lactação <i>Milk production adjusted for adult age and 305-day lactation</i>				
Média (kg) <i>Mean</i>	145,3	181,8	171,9	170,3
Desvio-padrão (kg) <i>Standard deviation</i>	356,4	450,1	459,1	444,2
Mínimo (kg) <i>Minimum</i>	-824,0	-1.085,4	-1.104,0	-1.258,1
Máximo (kg) <i>Maximum</i>	1.327,5	1.781,6	1.871,8	1.748,4
Amplitude (kg) <i>Range</i>	2.151,5	2.867,0	2.975,8	3.006,6

para rebanhos inseridos em cada classe de desvio-padrão fenotípico. Como variável independente, a regressão teria méritos genéticos únicos para cada reprodutor, obtidos a partir de análises semelhantes às realizadas rotineiramente, desconhecendo-se a existência da heterogeneidade de variâncias.

Para a característica produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta, as equações, os erros-padrão associados às estimativas dos coeficientes de regressão (EP) e os coeficientes de determinação (R^2) foram os seguintes, respectivamente, para as classes de baixo, médio e alto desvio-padrão:

$$y_1 = 2,490+0,783x \quad (\text{E.P.} = 0,005, R^2 = 96\%)$$

$$y_2 = 10,018+0,965x \quad (\text{E.P.} = 0,006, R^2 = 97\%)$$

$$y_3 = 0,758+1,046x \quad (\text{E.P.} = 0,004, R^2 = 99\%)$$

Para a característica produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta e para 305 dias de lactação, as equações, os erros-padrão associados às estimativas dos coeficientes de regressão e os coeficientes de determinação, na mesma seqüência, foram:

$$y_1 = 11,342+0,786x \quad (\text{E.P.} = 0,005, R^2 = 96\%)$$

$$y_2 = 11,054+1,002x \quad (\text{E.P.} = 0,005, R^2 = 98\%)$$

$$y_3 = -3,055+1,027x \quad (\text{E.P.} = 0,004, R^2 = 99\%)$$

Para as duas características, observou-se que os coeficientes de regressão, associados às classes de

alto e médio desvio-padrão fenotípico, foram próximos da unidade, isto é, houve correspondência entre os méritos genéticos dos animais preditos pelos dois tipos de análises, múltiplas características e característica única geral. Para esses dois tipos de rebanhos, de alto e médio 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), não seria prejudicada, havendo, nessas condições, adequada expressão do potencial genético dos animais.

Entretanto, os coeficientes de regressão, associados à classe de baixo desvio-padrão fenotípico, foram menores que a unidade, evidenciando diferenças entre os méritos genéticos de animais preditos pelos dois tipos de análises. Para rebanhos de baixo desvio-padrão fenotípico, o mérito genético de reprodutores

provenientes de análises de característica única geral estaria, de certa forma, superestimado ($b=0,783$ e $0,786$), em relação às predições resultantes de análises de múltiplas características. Nesse caso, a eficiência da seleção de reprodutores seria prejudicada.

Em face às evidências deste estudo, de que a heterogeneidade de variância existente seria, principalmente, de natureza não-genética e que envolveria mais rebanhos de baixo desvio-padrão fenotípico, poder-se-ia recomendar que os produtores de leite integrantes desta classe (possivelmente com rebanhos de baixa média de produção) procurassem reduzir as restrições ambientais, adotando práticas de manejo que propiciassem a completa expressão do potencial genético dos animais.

Se as variâncias diferem para cada ambiente, a dificuldade seria determinar quais componentes usar em cada um deles. Conforme mencionado anterior-

Tabela 5 - Médias, desvios-padrão mínimos e máximos e amplitudes de valores genéticos de vacas, por classe de desvio-padrão fenotípico, obtidos de análises com característica única
 Table 5 - Average number of daughters, means, standard deviation, minimum, maximum and range of breeding values of cows by classes of phenotypic standard deviation, predicted to univariate analyses

	Valores genéticos <i>Breeding values</i>			
	Classe de desvio-padrão <i>Phenotypic standard deviation classes</i>			Característica única <i>Univariate analysis</i>
	Baixo <i>Low</i>	Médio <i>Medium</i>	Alto <i>High</i>	
Produção total de leite ajustada para idade adulta <i>Milk production adjusted for adult age</i>				
Média (kg) <i>Mean</i>	141,1	167,3	255,1	188,3
Desvio-padrão (kg) <i>Standard deviation</i>	416,7	476,4	552,9	488,5
Mínimo (kg) <i>Minimum</i>	-1.502,5	-1.720,3	-1.921,6	-1.921,6
Máximo (kg) <i>Maximum</i>	1.982,8	2.074,9	2.649,3	2.649,3
Amplitude (kg) <i>Range</i>	3.485,3	3.795,2	4.570,9	4.570,9
Produção total de leite ajustada para idade adulta e para 305 de lactação <i>Milk production adjusted for adult age and 305-day of lactation</i>				
Média (kg) <i>Mean</i>	88,2	109,9	171,1	123,4
Desvio-padrão (kg) <i>Standard deviation</i>	323,8	373,0	427,5	379,5
Mínimo (kg) <i>Minimum</i>	-1.076,7	-1.502,2	-1.351,6	-1.502,2
Máximo (kg) <i>Maximum</i>	1.611,2	2.661,9	2.053,7	2.661,9
Amplitude (kg) <i>Range</i>	2.687,9	4.164,1	3.405,3	4.164,1

Tabela 6 - Correlações de Pearson e Spearman entre valores genéticos de reprodutores, obtidos a partir de análises de múltiplas características das três classes de desvio-padrão fenotípico e a partir de análises com característica única

Table 6 - Pearson and Spearman correlation between breeding values of sires predicted from multitrait analyses including the three classes of phenotypic standard deviation and from univariate analyses

Classes Class	Correlação Correlation							
	Pearson				Spearman			
	Geral	Baixo Low	Médio Medium	Alto High	Geral	Baixo Low	Médio Medium	Alto High
Produção total de leite ajustada para idade adulta <i>Milk production adjusted for adult age</i>								
Baixo Low	0,980				0,982			
Médio Medium	0,986	0,997			0,988	0,996		
Alto High	0,995	0,981	0,987		0,995	0,980	0,988	
Média ¹ Average ¹	0,991	0,996	0,998	0,994	0,993	0,995	0,998	0,994
Produção total de leite ajustada para idade adulta e para 305 de lactação <i>Milk production adjusted for adult age and 305-day lactation</i>								
Baixo Low	0,980				0,981			
Médio Medium	0,989	0,995			0,990	0,995		
Alto High	0,994	0,983	0,994		0,994	0,981	0,993	
Média ¹ Average ¹	0,991	0,995	0,999	0,996	0,992	0,995	0,999	0,995

¹ Média das três classes.

¹ Mean of the three classes.

mente, uma possível alternativa para contornar os problemas associados à heterogeneidade de variâncias seria o uso de análise de múltiplas características, o que nem sempre é possível implementar, em face das dificuldades computacionais, da necessidade do conhecimento prévio das variâncias e covariâncias e, ainda, da complexa utilização dos resultados pelos produtores.

Uma segunda alternativa para solucionar o problema seria o uso de procedimento bayesiano, para combinar informação anterior, tal como as estimativas de componentes da população, com estimativas de componentes dentro de rebanhos (HENDERSON, 1984; HILL, 1984; e GIANOLA, 1986). Uma terceira alternativa, se biologicamente razoável, seria modelar as variâncias em diferentes ambientes, talvez como uma função, considerando-se o tamanho e o nível de produção dos rebanhos. WELLER et al. (1985) sugeriram esta aproximação com referência a avaliações de gado de leite. Segundo WIGGANS e VANRANDEN (1991) e MEUWISSEN et al. (1996), outra alternativa seria

considerar ajustamentos para heterogeneidade de variâncias. Esses autores implementaram fatores de ajustamentos para heterogeneidade de variância, nas avaliações genéticas de gado de leite, nos Estados Unidos.

As equações de regressão, previamente descritas, dos valores genéticos obtidos para as classes de baixo, médio e alto desvio-padrão, a partir de análises de múltiplas características, em função dos valores genéticos obtidos nas análises de característica única geral, permitiriam ainda a conversão dos méritos genéticos. As correlações entre os valores obtidos pelas análises de múltiplas características e os estimados pelas equações foram 0,98; 0,99; e 0,99, respectivamente, para os valores genéticos obtidos nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão, para ambas as características. Isto indicaria que os valores obtidos a partir de análises desprezando-se as diferenças entre as classes de rebanho, como é feito nas avaliações genéticas atuais para a emissão de catálogos de touros, poderiam ser usados para estimar os valores específicos para cada classe de desvio-padrão.

Conclusões

O ajustamento da produção de leite para 305 dias de lactação reduziu mais a variância residual que a variância genética, evidenciando que o efeito da duração da lactação foi mais de natureza ambiental que genética.

Em face às evidências deste estudo, de que a heterogeneidade de variância existente seria, principalmente, de natureza não-genética e que envolveria mais rebanhos de baixo desvio-padrão fenotípico, poder-se-ia recomendar que os produtores de leite, integrantes desta classe (possivelmente com rebanhos de baixa média de produção), procurassem reduzir as restrições ambientais, adotando práticas de manejo que propiciassem a completa expressão do potencial genético dos animais.

Outra alternativa para solucionar o problema da heterogeneidade de variâncias seria o uso de procedimento bayesiano, para combinar informação anterior, tal como as estimativas de componentes da população, com estimativas de componentes dentro de rebanhos.

Na avaliação genética de reprodutores, torna-se importante considerar a variabilidade dentro de níveis de produção, pois, sob seleção, as classes mais variáveis contribuiriam com a maior parte dos animais, e a avaliação genética do animal poderia ser mais em função do seu ambiente que do seu potencial genético.

Referências Bibliográficas

- BOLDMAN, K.G., FREEMAN, A.E. 1990. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, 73(2):503-512.
- BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D. 1995. et al. *A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)*. Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service. 120p.
- BROTHERSTONE, S., HILL, W.G. 1986. Heterogeneity of variance amongst herds for milk production. *Anim. Prod.*, 42(3):297-303.

- FALCONER, D.S. 1952. The problem of environment and selection. *Am. Nat.*, 86(830):293-298.
- GIANOLA, D. 1986. On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. *Theor. Appl. Genet.*, 72(5):671-677.
- HAMMOND, J. 1947. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. *Biol. Rev.*, 22(2):195-213.
- HENDERSON, C.R. 1984. Applications of linear models in animal breeding. Ontario: University of Guelph. 462p.
- HILL, W.G. 1984. On selection among groups with heterogeneous variance. *Anim. Prod.*, 39(3):473-477.
- HILL, W.G., EDWARDS, M.R., AHMED, M.K.A. et al. 1983. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Anim. Prod.* 36(1):59-68.
- LUSH, J.L. 1945. *Animal breeding plans*. Ames: Iowa State College. 443p.
- MEUWISSEN, T.H.E., JONG, G., ENGEL, B. 1996. Joint estimation of breeding values and heterogeneous variances of large data files. *J. Dairy Sci.*, 79(2):310-316.
- MIRANDE, S.L., VAN VLECK, L.D. 1985. Trends in genetic and phenotypic variances for milk production. *J. Dairy Sci.*, 68(9):2278-2286.
- ROBERTSON, A., O'CONNOR, L.K., EDWARDS, J. 1960. Progeny testing dairy bulls at different management levels. *Anim. Prod.*, 2(2):141-152.
- UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA - UFV. SAEG. 1997. *Sistema para análise estatística e genética*, Versão 7.1. Viçosa, MG.
- WELLER, J.I., RON, M., BAR-ANAN, R. 1985. Accounting for environmentally dependent variance components in BLUP sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, 68(1):212-213.
- WIGGANS, G.R., VANRADEN, P.M. 1991. Method and effect of adjustment for heterogeneous variance. *J. Dairy Sci.*, 74(12):4350-4357.

Recebido em: 17/05/1999

Aceito em: 30/11/1999