



Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de búfalas no Brasil

Antonia Kécya França Moita¹, Paulo Sávio Lopes², Robledo de Almeida Torres², Ricardo Frederico Euclides², Humberto Tonhati³, Ary Ferreira de Freitas⁴

¹ *Doutoranda em Genética e Melhoramento/UFV.*

² *Departamento de Zootecnia/UFV.*

³ *Departamento de Zootecnia/FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP.*

⁴ *Embrapa Gado de Leite.*

RESUMO - Registros de produção de leite de 754 búfalas da raça Murrah foram utilizados com o objetivo de avaliar o efeito da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética. Os componentes de covariância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita utilizando-se quatro modelos bicaracterísticos, considerando, como efeitos fixos, estação de parto e rebanho-ano de parto, e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático). Os quatro modelos utilizados foram: modelo aditivo; modelo de repetibilidade; modelo aditivo com inclusão interação reprodutor \times rebanho-ano; modelo de repetibilidade com inclusão da interação reprodutor \times rebanho-ano. Os rebanhos foram classificados em duas classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite e análises bicaracterísticas foram realizadas considerando cada classe de desvio-padrão como característica diferente. Foi conduzida também uma análise unicaracterística desconsiderando as classes de desvio-padrão fenotípico, incluindo o efeito da interação reprodutor \times rebanho-ano. As estimativas de componentes de variância genética aditiva foram maiores na classe de alto desvio-padrão, comparadas às de baixo desvio-padrão. A maioria dos animais selecionados nos arquivos sem estratificação foi selecionada para alto desvio-padrão. Apesar do aumento nas variâncias aditivas e do erro nas de classes de alto desvio-padrão, suas herdabilidades foram menores, com exceção do modelo 2, cujo herdabilidade foi maior para a classe de alto desvio-padrão. Quando rebanhos são classificados em alto e baixo desvio-padrão fenotípico e a produção de leite nas diferentes classes é avaliada em modelo multicaracterística, a avaliação genética considera a heterogeneidade de variâncias entre rebanhos.

Palavras-chave: estratificação dos dados, melhoramento genético de búfalos

Heterogeneity of variances on genetic evaluation of buffaloes in Brazil

ABSTRACT - Milk yield records of 754 Murrah female buffaloes were used to evaluate the effects of heterogeneity of variance among herds on genetic evaluation. The restricted maximum likelihood method was used to estimate the (co)variance components using four bi-trait models, considering season and herd-year of birth as fixed effects and age of the cow as covariable (linear and quadratic effects). The following models were used: additive; repeatability; additive with sire \times herd-year interaction; and repeatability with sire \times herd-year interaction. The herds were classified in two classes of phenotypic standard deviation for milk production and bi-traits analyses were carried out considering each class of standard deviation as a different characteristic. A single trait analysis was also carried out, disregarding phenotypic standard deviation classes, including sire \times herd-year interaction effect. The estimates of additive genetic variance components were higher in the high standard deviation class than those of low standard deviation. Most of the animals selected from files without stratification was selected for high standard deviation. Despite of the increase in additive variances and the error in high standard deviation classes, their heritability were lower, except for model 2, whose heritability was higher for the class with high standard deviation. When herds are classified into high and low phenotypic standard deviation and milk production in the different classes is evaluated in a model trait, genetic evaluation takes into account the heterogeneity of variances among herds.

Key Words: buffalo breeding, data stratification

Introdução

De acordo com Tonhati (1997), a quase totalidade dos criatórios de búfalos no Brasil adota regime de criação extensivo, caracterizado pela falta de controle zootécnico,

sanitário e nutricional, desconhecendo o desempenho dos búfalos quanto ao ganho em peso, produção e qualidade do leite e características reprodutivas.

Estimativas de componentes de variâncias têm se mostrado heterogêneas de acordo com diferentes níveis de

produção e classes de desvio-padrão fenotípico dos rebanhos (Araújo et al., 2001; Torres et al., 1999). Esta propriedade das variâncias proporciona desvios, acarretando riscos de serem selecionadas maiores proporções de animais dos rebanhos de maior variabilidade fenotípica e não necessariamente de maior valor genético, podendo, assim, reduzir o progresso genético esperado (Hill et al., 1983).

Gianola (1986) sugeriu uma análise multicaracterística, na qual os arquivos dos rebanhos com diferentes variâncias poderiam ser considerados como características diferentes. Entretanto, esse método requer estimativas de componentes de variância para cada rebanho.

Uma alternativa para solucionar os problemas associados à heterogeneidade de variâncias seria a estratificação dos dados baseada em algum critério, e posterior análise de características múltiplas (Gianola, 1986), tendo como princípio a proposta apresentada por Falconer (1952), de considerar a expressão de um genótipo em diferentes ambientes, como características distintas.

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

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

Material e Métodos

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

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

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

Feitas as edições necessárias, o arquivo de dados continha 1.774 lactações, oriundas de 754 búfalas da raça Murrah, filhas de 39 reprodutores, as quais pariram no período de 1987 a 2005, distribuídas em treze rebanhos, doze no Estado de São Paulo e um no Estado do Ceará. A duração da lactação foi de 64 a 305 dias e a idade ao parto variou de 24 a 185 meses. A conexão dos dados foi feita para avaliar reprodutor x rebanho em função das filhas, para isso, foi exigido que cada reprodutor tivesse, no mínimo, duas filhas distribuídas em mais de um rebanho.

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

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

O arquivo de *pedigree* que originou a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM),

utilizada em todas as análises, continha 864 animais diferentes, 1.776 elementos não-zero na NRM e nenhum animal endogâmico, conseqüentemente, o coeficiente médio de endogamia foi igual a zero.

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

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

$$\begin{aligned} LR_{ij} &= -2\log_e(L_j/L_i), \\ LR_{ij} &= 2\log_e(L_i) - 2\log_e(L_j), \\ LR_{ij} &= 2[\log_e(L_i) - \log_e(L_j)], \end{aligned}$$

Na qual LR_{ij} = estatística do teste da razão de verossimilhança para modelos sequencialmente reduzidos; L_i = máximo da verossimilhança para o modelo completo i ; e L_j = máximo da verossimilhança para o modelo reduzido j .

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

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

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

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

Resultados e Discussão

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

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

As inclusões do efeito de ambiente permanente (modelo 2 vs modelo 1), da interação reprodutor \times rebanho-ano no modelo de aditivo (modelo 3 vs 1) e da interação reprodutor \times rebanho-ano no modelo de repetibilidade (modelo 4 vs modelo 2) não foram significativas.

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

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

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

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

Rebanhos	Média	EPM	Classe	Dados
1008	1056,020	225,4957	1	5
1005	942,117	250,14	1	30
1037	1450,873	252,43	1	12
1038	1335,806	263,28	1	7
1006	1031,315	356,24	1	84
1004	1109,669	433,73	1	29
1054	1484,081	488,61	1	47
1011	1805,115	514,77	1	567
1001	1350,294	526,69	1	91
1002	1663,620	601,99	2	104
1010	1681,672	687,003	2	544
1012	2633,542	763,26	2	171
1032	1776,071	788,03	2	83
Média geral	1736,663	705,85	-	-

Tabela 2 - Valores de $-2\log_e$ L da função de verossimilhança para os modelos e classes consideradas

Modelo	$-2\log_e L$	LR	Valor de p
M1	22.589,8071	-	-
M2	22.584,7722	5,034958	0,10252897
M3	22.583,7781	6,029042	0,146282651
M4	22.586,4911	1,718899	0,143424328

M1 = modelo bicaracterístico aditivo; M2 = modelo bicaracterístico que considera o efeito de ambiente permanente; M3 = modelo bicaracterístico que considera o efeito da interação reprodutor \times rebanho-ano; e M4 = modelo bicaracterístico que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor \times rebanho-ano.

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

de 0,40 para 0,41 na classe de alto desvio-padrão e aumento de 0,13 para 0,49 na classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

Com exceção do modelo 2, as estimativas de herdabilidade nas classes de baixo desvios-padrão apresentaram-se maiores que nas de alto desvio-padrão. Entretanto, Torres et al. (1999), Short et al. (1990) e Dong & Mao (1990) verificaram maiores estimativas de herdabilidade para produção de leite em bovinos da raça Holandesa nas classes de alto desvio-padrão fenotípico. Mesmo resultado foi obtido por Hill et al. (1983), trabalhando com médias de produção.

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

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

Tabela 3 - Estimativas dos componentes de variância para produção de leite em búfalas, nas classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo

Modelo	Desvio-padrão	Componente de variância			
		σ_a^2	σ_c^2	σ_{c1}^2	σ_e^2
M1	Baixo	112.276,41546	-	-	113.693,10166
	Alto	159.940,01351	-	-	207.463,72468
M2	Baixo	27.740,07416	70.945,9	-	111.856,04974
	Alto	144.399,85993	10.048,2	-	207.697,35301
M3	Baixo	113.376,35133	-	292,209	113.404,29226
	Alto	159.454,77400	-	26184,2	188.548,29846
M4	Baixo	108.706,98283	65,5019	0,311870	114.024,34529
	Alto	143.969,47494	661,815	9170,65	199.846,96386

M1 = modelo bicaracterístico aditivo, M2 = modelo bicaracterístico que considera o efeito de ambiente permanente, M3 = modelo bicaracterístico que considera o efeito da interação reprodutor \times rebanho-ano; e M4 = modelo bicaracterístico que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor \times rebanho-ano; σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_c^2 = variância de ambiente permanente; σ_{c1}^2 = variância da interação reprodutor \times rebanho-ano e σ_e^2 = variância residual.

Tabela 4 - Estimativas de herdabilidade, de repetibilidade e das proporções da variância fenotípica das classes de desvios-padrão fenotípico alto e baixo para produção de leite

Modelo	Desvio-padrão	Produção de leite				
		Herdabilidade	Repetibilidade	C ¹	C ³	e
M1	Baixo	0,50	-	-	-	0,50
	Alto	0,44	-	-	-	0,56
M2	Baixo	0,13	0,47	0,34	-	0,53
	Alto	0,40	0,43	0,028	-	0,57
M3	Baixo	0,50	-	-	0,0013	0,50
	Alto	0,43	-	-	0,070	0,50
M4	Baixo	0,49	0,49	0,29E-03	0,14E-05	0,51
	Alto	0,41	0,41	0,0019	0,026	0,57

M1 = modelo bicaracterístico aditivo, M2 = modelo bicaracterístico que considera o efeito de ambiente permanente, M3 = modelo bicaracterístico que considera o efeito da interação reprodutor \times rebanho-ano, e M4 = modelo bicaracterístico que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor \times rebanho-ano; C¹ = proporções da variância fenotípica atribuída aos efeitos de ambiente permanente, C³ = efeito da interação reprodutor \times rebanho-ano, e e = efeito residual.

Tabela 5 - Médias dos valores genéticos preditos para os animais, desvios-padrão, valores máximos, valores mínimos e amplitudes para as classes consideradas

Modelo	Valor genético predito				
	Média	Desvio-padrão	Mínimo	Máximo	
M1	Baixo	0,7473	205,6501	-626,9191	1000
	Alto	-8,2048	257,7375	-816,6784	1169
M2	Baixo	-2,4104	95,8084	-321,3162	443,2239
	Alto	-8,0392	227,1585	-769,3084	1069
M3	Baixo	1,3008	208,6743	-629,6201	1004
	Alto	-5,8986	256,2330	-798,6015	1183,
M4	Baixo	1,9017	198,2224	-617,3960	991,1158
	Alto	-8,2364	241,2110	-794,7596	1137

M1 = modelo bicaracterístico aditivo, M2 = modelo bicaracterístico que considera o efeito de ambiente permanente, M3 = modelo bicaracterístico que considera o efeito da interação reprodutor \times rebanho-ano, e M4 = modelo bicaracterístico que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor \times rebanho-ano.

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

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

De acordo com Martins (2002), quando as correlações genéticas entre as classes da fonte de heterogeneidade de variância não forem iguais à unidade, conforme verificado no presente trabalho, uma consequência adicional

ocorreria porque a avaliação genética tenderia a indicar como superiores os genótipos cuja capacidade adaptativa fosse mais estável, o que não significa, obrigatoriamente, que tais genótipos sejam superiores em todos os ambientes.

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

Ao comparar os 20 melhores animais do modelo com a interação reprodutor \times rebanho-ano, sem estratificação ao modelo 1, observa-se que 60% deles são comuns aos de baixo desvio-padrão e 85% deles são comuns aos de alto desvio-padrão (Tabela 8). Esses resultados confirmam os valores obtidos nas correlações de Pearson e de Spearman (Tabela 6).

Tabela 6 - Coeficiente de correlação de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos preditos para produção de leite

Modelo	Correlação de Pearson							
	M1		M2		M3		M4	
	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP
Geral	0,9405	0,9894	0,9784	0,9749	0,9463	0,9922	0,8517	0,9662
BDP		0,9214		0,9965		0,9398		0,8862
Modelo	Correlação de Spearman							
	M1		M2		M3		M4	
	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP	BDP	ADP
Geral	0,9626	0,9877	0,9792	0,9771	0,9649	0,9906	0,8790	0,9632
BDP		0,9405		0,9970		0,9541		0,9167

M1 = modelo bicaracterístico aditivo, M2 = modelo bicaracterístico que considera o efeito de ambiente permanente, M3 = modelo bicaracterístico que considera o efeito da interação reprodutor \times rebanho-ano, e M4 = modelo bicaracterístico que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor \times rebanho-ano; modelo geral = considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor \times rebanho-ano sem que haja a separação em baixo e alto desvio-padrão; BDP = baixo desvio-padrão, ADP = alto desvio-padrão.

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

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

IA = identificação do animal; M1 = modelo bicaracterístico aditivo, M2 = modelo bicaracterístico que considera o efeito de ambiente permanente, M3 = modelo bicaracterístico que considera o efeito da interação reprodutor × rebanho-ano, e M4 = modelo bicaracterístico que considera os efeitos de ambiente permanente e da interação reprodutor × rebanho-ano; BDP = baixo desvio-padrão, ADP = alto desvio-padrão.

Tabela 8 - Valores genéticos das 20 melhores búfalas em análise de característica simples (modelo geral) e nas classes de desvio-padrão fenotípico

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

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

Conclusões

Ao selecionar animais sem considerar a heterogeneidade de variância, há tendência em favorecer aqueles pertencentes a rebanhos de alta variância, em detrimento aos de menor variabilidade fenotípica. A

estratificação dos rebanhos de búfalas para a característica produção de leite em classes de alto e baixo desvio-padrão fenotípico corrige para a heterogeneidade de variância. Quando realizada a estratificação do rebanho pelo nível de produção, é recomendável na avaliação genética o uso de um modelo mais simples (apenas efeito aditivo). Caso não

seja feita a estratificação dos rebanhos, é necessário utilizar um modelo mais completo (efeitos aditivo, permanente e da interação reprodutor \times rebanho-ano).

Agradecimentos

Aos criadores de búfalos, pela perseverança na dedicação ao melhoramento da espécie. À Associação Brasileira de Criadores de Búfalos. Ao professor Humberto Tonhati, pela cessão dos dados sobre búfalos. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - (CNPq) e à Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de estudar, aprender e desenvolver esta pesquisa.

Referências

- ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N. Et Al. Efeito da interação reprodutor \times rebanho na acurácia da avaliação genética de reprodutores da raça holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.1000-1006, 2001 (supl. 1).
- 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. 86p.
- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variance by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.2, p.503-512, 1990.
- COSTA, C.N. Interação genótipo \times ambiente em gado de leite. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1., 1999, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, MG: UFV, 1999. p.161-191.
- DONG, M.C.; MAO, I.L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intraherd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v.73, p.843-851, 1990.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **American Nature**, v.86, n.830, p.293-298, 1952.
- GIANOLA, D. Selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theoretical Applied Genetic**, v.72, n.5, p.671-677, 1986.
- HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K. A. et al. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. **Animal Production**, v.36, n.1, p.59-68, 1983.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. p.205-214.
- SHORT, T.H.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L. et al. Heterogeneous within-herd variance: 1 - Genetic parameters for first and second lactation milk yield of grade Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.11, p.3312-3320, 1990.
- TONHATI, H. Melhoramento genético de bubalinos para carne e leite. In: OLIVEIRA, G.J.C; ALMEIDA, A.M.L.; SOUZA FILHO, U.A.S. (Eds.) **O búfalo no Brasil**. Cruz das Almas: UFBA – Escola de Agronomia, 1997. p.101-113.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N. et al. Ajustamento de variâncias para a produção de leite entre rebanhos da raça holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.2, p.295-303, 1999.