

EFEITO DA HETEROGENEIDADE DA VARIÂNCIA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA NELORE: II. ANÁLISES DE BI-CARACTERÍSTICAS PARA GANHO DE PESO DA DESMAMA AO SOBREANO¹

JÚLIO CESAR DE CARVALHO BALIEIRO², PAULO SÁVIO LOPES³, JOANIR PEREIRA ELER⁴, JOSÉ BENTO S. FERRAZ⁴, EDSON DE SOUZA BALIEIRO⁵, LUÍS GUSTAVO GIRARDI FIGUEIREDO⁶

¹ Parte da Tese do primeiro autor. Projeto apoiado pela FAPESP, CNPq e Agropecuária CFM Ltda.

² Professor Dr. do Departamento de Ciências Básicas, FZEA/USP, Pirassununga/SP. e-mail: balieiro@usp.br

³ Professor Titular do Departamento de Zootecnia, DZO/UFV, Viçosa/MG.

⁴ Professor Titular do Departamento de Ciências Básicas, FZEA/USP, Pirassununga/SP.

⁵ Professor Dr. do Departamento de Produção Animal do Instituto de Zootecnia da UFRRJ, Seropédica/RJ.

⁶ Doutorando do Programa de Pós-graduação em Qualidade e Produtividade Animal da FZEA/USP, Pirassununga/SP.

RESUMO - Dados de 28.399 ganhos de peso da desmama ao sobreano foram utilizados, com o objetivo de verificar o efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de vacas e touros da raça Nelore. A variância de cada subclasse de grupo contemporâneo foi usada para dividir os registros em níveis de baixa, média e alta variabilidade. As médias dos ganhos de peso da desmama ao sobreano e os componentes de variância genética, residual e fenotípica aumentaram com o aumento dos níveis de variabilidade dos grupos contemporâneos. Os componentes de variância genética foram maiores que os obtidos em análises de uni-características, e os componentes de variância residual foram menores, resultando em estimativas de herdabilidades maiores, para as análises de características múltiplas.

PALAVRAS-CHAVE: Bovino de corte, heterogeneidade de variâncias, parâmetros genéticos

EFFECT OF THE HETEROGENEITY OF VARIANCE IN GENETIC EVALUATION OF NELORE CATTLE: II. MULTITRAIT ANALYSES FOR POSTWEANING GAIN

ABSTRACT - Data of 28.399 postweaning gain were used to verify the effects of heterogeneity of variance on genetic evaluation of cows and bulls in Nelore cattle. The variance of each subclass of contemporary group was used to divide the records in low, medium and high variability levels. Postweaning gain averages, and the genetic, residual and phenotypic variance components estimates increased with the increase of the variability levels of the contemporary groups. The genetic variance components were larger than the ones from single trait analyses. In addition, residual variance components estimates were smaller in multitrait than in single trait analyses, resulting in higher values heritability.

KEYWORDS: Beef cattle, heterogeneity of variances, genetics parameters

INTRODUÇÃO

Na prática do melhoramento animal, as decisões de seleção têm sido tomadas frequentemente entre grupos de animais criados em ambientes distintos, os quais podem diferir tanto na média quanto na variabilidade. Esta situação conduz a diferenças nas estimativas de componentes de (co)variâncias e, conseqüentemente, diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos. Henderson (1984) mostrou que um dado modelo poderia estar associado com seis diferentes situações, com respeito aos componentes de variância. Dentre estas situações, as variâncias genéticas aditivas e residuais podem mudar de tal forma, que as herdabilidades são variáveis. Nestes casos, estariam envolvidas equações de características múltiplas com mérito genético em cada ambiente, ou nível de produção, considerado como uma característica diferente. Alguns estudos em gado leiteiro, nos quais os componentes de variância têm sido estimados, indicam uma relação positiva entre nível de produção e estimativas de variâncias genéticas e residuais, bem como herdabilidades (Der Veer e Van Vleck, 1987; Boldman e Freeman, 1990; Torres, 1998).

São escassos os trabalhos que tratam dos efeitos da heterogeneidade de variância, em análises para gado de corte, e assim sendo, o objetivo deste trabalho foi o de avaliar a utilização do

modelo multi-característico, considerando a heterogeneidade de variâncias e verificar seu impacto na avaliação genética de vacas e touros da raça Nelore.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados 28.399 registros de ganhos de peso da desmama ao sobreano de animais criados em três rebanhos, dois localizados no Estado de São Paulo e um no Estado do Mato Grosso do Sul, pertencentes à Agropecuária CFM Ltda. Os registros foram referentes às progênes de 25.077 vacas puras da raça Nelore e de 476 reprodutores. As idades ao parto das vacas variaram de 23 a 229 meses e abrangeram o período de 1984 a 1998.

Os registros de ganhos de peso da desmama ao sobreano (GPORI) foram investigados com base em suas estatísticas descritivas dentro das subclasses de grupos contemporâneos. Foi utilizado o Teste de Bartlett para dividir o arquivo original em níveis de variabilidade baixa (GPNVB), média (GPNVM) e alta (GPNVA). A estratégia foi agrupar subclasses onde as variâncias foram consideradas homogêneas, sendo que os ganhos de peso da desmama ao sobreano dentro de cada nível, foram considerados como uma variável dependente distinta.

Nas análises para estimação dos componentes de variância, bem como para predição dos valores genéticos dos animais foi considerado um modelo com o efeito fixo de grupo de contemporâneo, além dos efeitos aleatórios aditivo direto e residual. As soluções das equações do modelo foram obtidas pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita, através do programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). Para a obtenção das estimadas das correlações de Pearson e Spearman, entre os valores genéticos dos ganhos de pesos da desmama ao sobreano desconsiderando (GPORI) e considerando os diferentes níveis de variabilidade (GPNVB, GPNVM e GPNVA), foi utilizado o programa *Statistical Analysis System*, versão 6.12 (SAS, 1995).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os números de observações e as estimativas de médias, desvios-padrão, mínimo, máximo e coeficientes de variação para cada um dos três níveis de variabilidade para ganhos de pesos da desmama ao sobreano são apresentados na Tabela 1. As estimativas dos componentes de variâncias genética aditiva, residual e fenotípica, bem como as herdabilidades, obtidas em análises para bi-características nos diferentes níveis de variabilidade são apresentadas na Tabela 2. As estimativas dos componentes de variância obtidas nas análises de bi-características, para o nível de variabilidade baixa, apresentaram as seguintes relações entre os componentes de variância aditiva e residual, em análises com o nível médio e alto: 3,02 e 3,03. Para o nível de variabilidade média, estas relações em análises com o nível baixo e alto foram 2,43 e 2,26, respectivamente. Para o nível de variabilidade alta, as relações em análises com o nível baixo e médio foram 2,69 e 2,53, respectivamente. As estimativas das herdabilidades continuaram com o comportamento de aumento em função do incremento dos níveis de variabilidade. Este aumento pode ser verificado quando é avaliado dentro de um mesmo nível, como, por exemplo, o nível alto em análise conjunta com níveis baixo (0,27) e médio (0,31). Tendências similares de herdabilidades não serem constantes, aumentando com o nível de produção ou com a variância fenotípica do rebanho, têm sido relatadas na literatura (De Veer e Van Vleck, 1987; Boldman e Freeman, 1990; Torres, 1998; Teixeira et al., 2002). As estimativas de correlações genéticas entre os níveis de variabilidade baixo, médio e alto foram altas (de 0,85 a 0,88). Estas correlações indicam que os animais poderiam ser classificados com pequenas alterações na ordem entre os diferentes níveis de variabilidade.

Foram obtidos os valores genéticos para 476 reprodutores, a partir das análises de bi-características, com o objetivo de verificar os valores genéticos dos reprodutores obtidos nas análises que consideram a heterogeneidade de variância (GPNVB, GPNVM e GPNVA), em comparações com os valores genéticos obtidos em análises uni-características específicas, que desconsideram a heterogeneidade. As correlações entre os valores genéticos variaram 0,957 a 0,996 e as correlações entre as ordens de classificação dos reprodutores variaram de 0,957 a 0,997. Para os valores genéticos das 28.077 vacas, obtidos nas análises bi-características e comparados com os valores genéticos obtidos em análises uni-características específicas, as correlações variaram 0,957 a 0,997 e as correlações entre as ordens de classificação das vacas variaram de 0,975 a 0,996.

CONCLUSÕES

Com base nas estimativas de correlações genéticas entre pesos ao sobreano, correlações de Pearson entre os valores genéticos e correlações de Spearman, desconsiderar a heterogeneidade de

variâncias não acarretaria em alterações profundas na classificação dos touros e das vacas para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOLDMAN, K.G. & FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd level production in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 2, p. 503-512, 1990.
- BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D., VAN TASSEL, C.P. & KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML: a set of program to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. Lincoln: Department of agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 120 p.
- DER VEER, J.C. & VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for first lactation yields at three levels of herd production. **Journal of Dairy Science**, v.70, n. 7, p.1434-1441, 1987.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph: Guelph, Canada, 1984, 462 p.
- TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil**. Belo Horizonte, MG.124 p. Dissertação (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.
- TEIXEIRA, N. M.; FREITAS, A. F.; FERREIRA, W. J. et al. Ajustamento para Heterogeneidade de Variância da Produção de Leite de Vacas da Raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n.1, p.369-375, 2002.
- SAS. **USER'S GUIDE: basic and statistic**. Cary: SAS, 1995. 1.686 p.

TABELA 1. Número de registros (N), médias (MED), desvios-padrão (DP), mínimo (MIN), máximo (MAX) e coeficiente de variação (CV) para ganho de peso da desmama ao sobreano, em escala original, dentro dos níveis de variabilidade considerados

Ganho de peso	N	MED	DP	MIN	MAX	CV (%)
GPNVB	4.710	105,370	29,590	7,040	221,840	28,082
GPNVM	8.096	111,554	33,372	9,500	219,990	29,916
GPNVA	15.593	117,989	36,444	6,050	221,280	30,888

GPNVB – nível de variabilidade baixa;
 GPNVM – nível de variabilidade média;
 GPNVA – nível de variabilidade alta;

TABELA 2. Estimativas dos componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), das herdabilidades e correlações genéticas (r_a) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises bi-características

Nível da Variabilidade	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}^2	r_a
GPNVB ^{1/}	36,644	110,553	147,197	0,25	0,88
GPNVM ^{1/}	68,755	166,796	235,551	0,29	
GPNVB ^{2/}	36,505	110,783	147,288	0,25	0,85
GPNVA ^{2/}	107,436	289,076	396,512	0,27	
GPNVM ^{3/}	72,439	164,054	236,493	0,31	0,86
GPNVA ^{3/}	112,837	285,199	398,036	0,28	

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio;

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto;

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

GPNVB – nível de variabilidade baixa;
 GPNVM – nível de variabilidade média;
 GPNVA – nível de variabilidade alta;