



HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA ENTRE ESTADOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE DA RAÇA HOLANDESA, USANDO MÉTODOS BAYESIANOS VIA AMOSTRADOR DE GIBBS

ALENCARIANO JOSÉ DA SILVA FALCÃO¹, ELIAS NUNES MARTINS², CLÁUDIO NAPOLIS COSTA³, EDUARDO SHIGUERO SAKAGUTI⁴, JOSMAR MAZUCHELI⁵

¹ Prof. Adjunto I, PUCPR, campus Toledo. Av. da União, 500. CEP: 85902-532. falcao@rla01.purpr.br

² Prof. Associado, Universidade Estadual de Maringá, DZO. Av Colombo 5790. 87020-900. enmartins@uem.br

³ Pesquisador da EMBRAPA Gado de Leite – 36038-330 Juiz de Fora, MG. Bolsista CNPq. cnc8@cnpq.embrapa.br

⁴ Prof. Adjunto, Universidade Estadual de Maringá, DZO. essakaguti@uem.br

⁵ Professor Adjunto do Departamento de Matemática e Estatística da UEM.

RESUMO - Registros de produção de leite de vacas Holandesas foram utilizados para investigar a existência de heterogeneidade de variância entre Estados. Os componentes de (co)variância foram estimados por amostragem de Gibbs, sob um modelo animal. Nas análises multicaracter, as médias e desvios padrão de herdabilidade para MG, SP, PR, SC e RS, foram $0,289 \pm 0,022$, $0,236 \pm 0,015$, $0,282 \pm 0,013$, $0,383 \pm 0,026$ e $0,366 \pm 0,027$. As correlações genéticas variaram entre 0,068 a 0,328. Resultados que sugerem a existência da interação genótipo-ambiente. O maior valor de correlação genética foi encontrada entre SP e PR. As variâncias genética e residual para PL305 foram diferentes ($P < 0,0001$) entre os cinco Estados.

PALAVRAS-CHAVE: herdabilidade, inferência Bayesiana, interação genótipo x ambiente, variâncias

HETEROSCEDASTICITY BETWEEN STATES FOR MILK YIELD IN HOLSTEIN HERDS, USING BAYESIAN INFERENCE VIA GIBBS SAMPLER

ABSTRACT - Records on milk yield of Holstein cows were used to investigate heterogeneity. (Co)variance components were estimated by Gibbs sampling, with an animal model. In the multiple-trait analysis, *posterior* means and SD of heritability for MG, SP, PR, SC, and RS were 0.289 ± 0.022 , 0.236 ± 0.015 , 0.282 ± 0.013 , 0.383 ± 0.026 , and 0.366 ± 0.027 , respectively. The magnitudes of genetic correlations between states were very low and ranged from 0.068 to 0.328, suggesting the genotype by environment interaction. Genetic and residual variances were significant ($P < 0.0001$) between the five states. Therefore, it may be necessary to account for heterogeneous genetic and environmental variance in sire evaluations.

KEYWORDS: Bayesian inference, genotype x environment interaction, heritability, variance

INTRODUÇÃO

Na maioria dos programas de melhoramento de gado de leite, a seleção é baseada na Melhor Predição Linear não Viesada (BLUP) do valor genético, obtida por meio da metodologia de modelos mistos. Embora tenha havido um ganho genético substancial nos sistemas que utilizam esta metodologia, este ganho não é igual ao que é teoricamente esperado. Segundo DeStefano (1994), isto se deve ao fato de que as pressuposições nas quais as atuais avaliações se baseiam têm sido violadas. Dentre estas se encontra a homogeneidade de variância.

Diversos estudos têm mostrado a existência de heterogeneidade de variância genética, residual e fenotípica para características de produção, em relação à região, nível de produção, rebanho, entre outros fatores (Famula, 1989; Costa, 1999). Portanto, em tais casos a premissa de homocedasticidade das variâncias não tem sustentação, e admiti-las nos modelos pode implicar na introdução de viés nas avaliações genéticas. Os preditores BLUP podem convenientemente considerar as diferenças de variâncias dentro das subclasses. Porém, este método pode exigir a estimação de um grande número de componentes de variância, com pouca informação contribuindo para cada componente. Em tais situações, os métodos de verossimilhança, que depende de uma justificativa assintótica, pode falhar em prover estimativas suficientemente acuradas (Gianola, 1986).

No Brasil, a maior parte dos rebanhos da raça Holandesa estão situados nas regiões Sul e Sudeste e diferentes condições de clima, alimentação e manejo podem ser fonte de heterogeneidade de variância e/ou interação genótipo-ambiente. Assim, os objetivos deste trabalho foram obter

estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para produção de leite e investigar a existência da heterogeneidade de variância da produção de leite entre os Estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul.

MATERIAL E MÉTODOS

As informações utilizadas neste estudo foram geradas nos programas oficiais de controle leiteiro da raça Holandesa dos Estados de MG, SP, PR, SC e RS, e são integrantes do Arquivo Zootécnico Nacional gerenciado pela EMBRAPA-CNPGL. O conjunto de dados original foi editado com uso do sistema SAS® (SAS, 2000). Foram eliminadas as classes de rebanho-ano de parição com menos de 15 observações, lactações inferiores a 150 e superiores a 450 dias de duração e registros de produção menores que 1.000 e maiores que 13.000 kg de leite. Após todas as restrições impostas, obteve-se um conjunto de dados com 108.702 registros de produção de leite de 62.458 vacas, cujas partições ocorreram entre 1980 e 1993, distribuídas em 763 rebanhos.

Foi utilizado um modelo animal, incluindo-se os efeitos fixos rebanho-ano, época de parição, composição racial das vacas (puras de origem ou superior a 31/32 da raça Holandesa), idade da vaca como covariável (efeitos linear e quadrático) e, os efeitos aleatórios diretos, permanentes e residuais. O modelo de análise na forma matricial é dado por: $y = X\beta + Za + Wp + e$, onde y o vetor das produções de leite ajustadas para 305 dias de lactação (PL305); β , a , p e e são os vetores de efeitos fixos, genéticos diretos, de ambiente permanente e de resíduos. X , Z e W são matrizes de incidência dos efeitos fixos, genéticos diretos e de ambiente permanente. Admitiu-se que y , a , p e e possuem distribuição conjunta normal multivariada. Supondo-se heterogeneidade de variância, a PL305 em cada Estado foi tratada como uma característica diferente. A implementação dos princípios Bayesianos via amostragem de Gibbs na estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foi realizada por meio dos programas do sistema MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Model*) desenvolvido por Van Tassell e Van Vleck (1995).

Para as análises unicaracter foram geradas, para cada parâmetro, cadeias de Gibbs de 80.000 iterações, com um descarte inicial de 30.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 50 iterações. Nas análises multicaracter foram geradas cadeias de 600.000 iterações, descarte inicial de 100.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 100 iterações. A convergência das cadeias para distribuições estacionárias dos componentes de (co)variância foi diagnosticada usando o método de Heidelberg & Welch (1983). Tanto nas análises unicaracter como na multicaracter as cadeias de GS atingiram a convergência. A existência de heterogeneidade de variância genética e residual entre os Estados foi detectada fazendo-se uso do teste *t-Student*, pois as amostras de cada componente de variância, para cada Estado, foram tratadas como sendo independentes.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias *a posteriori* e respectivos desvios padrão (DP) e intervalo de credibilidade da (co)variância genética para PL305, estimadas da análise multicaracter (MT), são encontradas na Tabela 1. As maiores estimativas de variância genética foram encontradas nos Estados de SC e RS, e as mais precisas obtidas nos no PR e SP, pois, apresentaram os menores DP e as menores amplitudes dos intervalos de credibilidade. O maior valor para a covariância genética foi observada entre SP e PR, sendo também aquela obtida com maior precisão.

As médias de herdabilidade e respectivos DP para PL305 dos Estados de MG, SP, PR, SC e RS, obtidas das análises multicaracter, foram $0,289 \pm 0,022$, $0,236 \pm 0,015$, $0,282 \pm 0,013$, $0,383 \pm 0,026$ e $0,366 \pm 0,027$, respectivamente. Estes valores estão dentro dos limites reportados pela literatura (De Veer & Van Vleck, 1987; Costa, 1999). Os maiores valores foram observados em SC e RS, conseqüência da maior variabilidade genética encontrada nestes Estados.

As médias dos componentes de variância genética e residual para PL305 foram diferentes ($P < 0,0001$) entre os cinco Estados. Portanto, estes resultados indicam a existência de heterogeneidade de variância genética e residual entre os Estados considerados neste estudo.

Os efeitos da heterogeneidade de variância sobre a resposta à seleção dependem das diferenças na variância genética para produção de leite entre os Estados e de suas relações com as variâncias fenotípicas. De acordo com os resultados encontrados neste trabalho, uma das causas da heterogeneidade de variância é de origem ambiental. Desta forma, a avaliação genética dos animais pode ser mais influenciada pelo ambiente no qual são criados que pelo seu potencial genético, caso a heterogeneidade de variância seja ignorada.

Os resultados encontrados neste trabalho estão de acordo com Vinson (1987) que aponta que as diferenças entre rebanhos, quanto à variabilidade de produção, geralmente têm sido atribuídas às diferenças nos fatores climáticos locais ou regionais e nos tipos de manejo do rebanho, este último incluindo fatores como intensidade e quantidade de alimentação de acordo com a produção, estado sanitário do rebanho e qualidade dos animais de reposição.

TABELA 1. Médias e respectivos desvios padrão (DP) *a posteriori* e percentis da variância (σ_i^2) e covariância ($\sigma_{i,j}$) genética para PL305 (kg²), obtidos de análise multicaracter

Componente de (co)variância	Média	DP	Percentis		
			2,5%	50%	97,5%
σ_1^2	312.283	26.154	260.852	311.419	359.958
$\sigma_{1,2}$	54.928	22.162	10.967	54.315	96.157
$\sigma_{1,3}$	65.803	26.555	12.600	66.100	115.000
$\sigma_{1,4}$	30.979	32.012	-31.000	29.000	93.100
$\sigma_{1,5}$	35.993	32.165	-26.114	35.605	99.977
σ_2^2	292.127	19.517	256.000	293.000	332.000
$\sigma_{2,3}$	107.292	21.940	63.300	106.000	148.000
$\sigma_{2,4}$	38.858	30.868	-20.846	38.291	99.927
$\sigma_{2,5}$	52.712	30.530	-6944	55.199	112.120
σ_3^2	365.252	19.006	328.142	364.946	402.090
$\sigma_{3,4}$	30.308	36.110	-38.780	30.183	103.650
$\sigma_{3,5}$	47.289	32.587	-16.193	47.063	107.697
σ_4^2	537.508	46.109	449.477	537.099	634.631
$\sigma_{4,5}$	57.006	44.380	-30.901	58.209	143.483
σ_5^2	563.028	47.810	473.805	564.674	658.458

i e j = 1 ... 5, onde 1 = MG, 2 = SP, 3 = PR, 4 = SC e 5 = RS;

CONCLUSÕES

As estimativas das covariâncias genética foram de baixa magnitude e desvios padrão elevados. Possivelmente, um aumento na precisão das estimativas pode ser obtido utilizando um modelo estrutural que tem menos parâmetros a serem estimados. Foi verificada a existência de heterogeneidade de variância genética e residual para produção de leite entre os cinco Estados. Portanto, a heterogeneidade de variância deve ser considerada na avaliação genética dos animais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- COSTA, C.N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in Brazilian herd environments. **Genetics and Molecular Biology**, v.22, n.3, p.375-381, 1999.
- DE VEER, J.C.; VAN VLECK, D.L. Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. **Journal of Dairy Science**, v.70, n.7, p.1434-1441, 1987.
- DESTEFANO, A.L. **Identifying and quantifying sources of heterogeneous residual and sire variance in dairy production data**. Ithaca: Cornell University, 1994. 133p. PhD Thesis (Animal Breeding) - Cornell University, 1994.
- FAMULA, T.R. Detection of heterogeneous variance in herd production groups. **Journal Dairy Science**, v.72, n.3, p.715-721, 1989.
- GIANOLA, D. On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theoretical Applied Genetic**, v.72, p.671-677, 1986.



V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT User's guide: statistics**, versão 8.1, v.2,4. ed. Cary, 2000.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, D.L. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]**. U.S. Department of Agriculture, 1995. (Agricultural Research Service).

VINSON, W.E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. **Journal of Dairy Science**, v.70, n.11, p.2450-2455, 1987.