

RACHEL SANTOS BUENO

**HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS NA AVALIAÇÃO
GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA PARDO-SUIÇA NO BRASIL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de "Magister Scientiae".

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2003

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

B928h
2003

Bueno, Rachel Santos, 1977-

Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de
animais da raça pardo-suíça no Brasil / Rachel Santos
Bueno. – Viçosa : UFV, 2003.
xix, 90f. : il. ; 29cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de
Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Bovino - Genética - Métodos estatísticos. 2. Bovino -
Reprodução. 3. Análise de variância. 4. Interação
genótipo-ambiente. 5. Leite - Produção. 6. Leite -
Composição. 7. Animais - Melhoramento genético.
I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 636.20821

RACHEL SANTOS BUENO

**HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS NA AVALIAÇÃO
GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA PARDO-SUIÇA NO BRASIL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de "Magister Scientiae".

APROVADA: 28 de fevereiro de 2003.

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Conselheiro)

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Conselheiro)

Prof. José Ivo Ribeiro Júnior

Profa. Carmen Silva Pereira

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

À minha filha, Luísa.

Aos meus pais, Tico e Cida.

Aos meus irmãos, Emmanuel e Matheus.

AGRADECIMENTO

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À Associação Brasileira de Criadores de Gado Pardo-Suíço, pela disponibilidade e pela cessão dos dados.

Ao meu orientador, Robledo de Almeida Torres, pela confiança, pela orientação e pela amizade.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela amizade, pelos ensinamentos e pelas sugestões.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela amizade e pelas sugestões.

À professora Carmen Silva Pereira, pela amizade e pelos ensinamentos.

Ao professor José Ivo Ribeiro Júnior, pelas sugestões que enriqueceram este trabalho.

Ao professor Martinho de Almeida e Silva, pela oportunidade na iniciação científica.

Ao Doutor Pedro Franklin Barbosa, pela amizade e pelos ensinamentos.

Ao Cláudio Vieira de Araújo, pela ajuda, pela paciência e amizade.

Aos amigos e colegas de pós-graduação, Aldrin, Antônio Policarpo, Elizângela, Fernanda, Giselle, Guilherme, Herluce, Jaime, José Marques, José Lindenberg, Leandro, Marcos Vinícius, Paulo Carneiro, Ricardo e Urbano, pela amizade e pelo convívio.

À amiga Alice Cristina Bitencourt Teixeira, pela amizade que sempre honrarei.

Ao amigo Gustavo Henrique de Souza, pela amizade seja em que tempo for, bom ou ruim.

Ao Rodolpho de Almeida Torres Filho, pela amizade.

Ao Marcelo Silva de Freitas, pelo auxílio e pela paciência.

Aos demais professores, funcionários e alunos do Departamento de Zootecnia, pelo companheirismo e pela amizade.

Aos meus pais, por tudo que fizeram e fazem por mim.

À minha avó Neida, pelo apoio e carinho.

À minha tia Neide, pelo incentivo e amizade.

Ao Robson, pelo amor.

Aos amigos Analice, Delana, Eloíza, Fernanda e Silvana Bez, Frederico, Guga, Jacqueline, Jane, Marcelão, Mirella Geraldini e Robérson Sakabe.

À amiga de toda vida Thelma.

À Cida por cuidar da minha Luísa.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente, para a realização deste trabalho.

A Deus.

BIOGRAFIA

RACHEL SANTOS BUENO, filha de Ildefonso Bueno Filho e Maria Aparecida dos Santos Bueno, nasceu em Santos, São Paulo, em 16 de junho de 1977.

Em março de 1996, iniciou o curso de Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica, por alguns anos, no Departamento de Zootecnia, tendo como orientador o Prof. Martinho de Almeida e Silva e posteriormente o Prof. Paulo Sávio Lopes.

Em março de 2001, graduou-se em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa.

Em abril de 2001, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, na área de Melhoramento Animal.

No dia 28 de fevereiro de 2003, submeteu-se aos exames de defesa de tese.

ÍNDICE

RESUMO.....	ix
ABSTRACT.....	xii
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
REVISÃO DE LITERATURA.....	3
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	14
CAPÍTULO 1.....	
EFEITO DA INTERAÇÃO REPRODUTOR X REBANHO E REPRODUTOR X REBANHO-ANO NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA PARDO-SUIÇA	
RESUMO.....	17
ABSTRACT.....	19
INTRODUÇÃO.....	21
MATERIAL E MÉTODOS.....	23
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
CONCLUSÕES.....	40
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	41
CAPÍTULO 2.....	
EFEITO DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA PARDO-SUIÇA NO BRASIL	

RESUMO.....	44
ABSTRACT.....	46
INTRODUÇÃO.....	48
MATERIAL E MÉTODOS.....	50
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	57
CONCLUSÕES.....	84
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	85
RESUMO E CONCLUSÕES GERAIS.....	87

RESUMO

BUENO, Rachel Santos, M. S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2003. **Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de animais da raça Pardo-Suíça no Brasil.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Conselheiros: Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides.

Com o intuito de avaliar o efeito da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de animais da raça Pardo-Suíça no Brasil, foram utilizados registros de produção de leite e gordura do leite, para estimação de componentes de variâncias, e valores genéticos dos reprodutores, por meio do programa MTDFREML. Para tanto, foram utilizados três modelos, sem e com interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano, que consideravam como efeitos fixos, grupo genético, estação de parto e classe de rebanho-ano, e como aleatórios, os efeitos de animal, de ambiente permanente, de interação, quando considerada no modelo, e do erro, em análises de características únicas e múltiplas. O teste da razão de verossimilhança foi aplicado para verificar a efetividade da inclusão dos efeitos de interação nos modelos. No estudo do efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano sobre a avaliação genética de reprodutores, modelos de características múltiplas, para produção de leite e gordura, foram utilizados. Os componentes de variâncias praticamente não alteraram e os coeficientes de herdabilidades foram próximos entre si. A estimativa de herdabilidade foi de 0,40 para ambas características e, a correlação genética entre as características

de 0,94, exceto quando o modelo considerou o efeito da interação reprodutor x rebanho, onde para produção de gordura, a herdabilidade foi de 0,39, e a correlação genética entre as características de 0,95. O logaritmo natural da função de verossimilhança aumentou ($P < 0,01$) quando se incluiu os efeitos de interação nos modelos. As correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos obtidos pelos diferentes modelos foram superiores a 0,99, para produção de leite e gordura, e acima de 0,90, entre as características avaliadas. Deste modo, as interações reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano não causaram mudanças na classificação dos reprodutores, não havendo necessidade de considerá-las nos modelos de avaliação genética. A fim de analisar a importância da heterogeneidade de variâncias entre rebanhos e a efetividade da inclusão da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano como fator de ajustamento para a mesma, os dados foram estratificados em duas classes com base no desvio-padrão fenotípico dos rebanhos, para produção de leite, ajustada a duas ordenhas diárias, a 305 dias de lactação e a idade adulta da vaca. Os componentes de variâncias, para produção de leite e gordura, foram obtidos em análises de característica única geral, em análises de característica única, em cada classe de desvio-padrão e em análises de características múltiplas, em que a característica em cada classe de desvio-padrão fenotípico foi considerada como característica diferente. Os componentes de variâncias genética aditiva e residual foram maiores na classe de alto desvio-padrão fenotípico, e reduziram ou praticamente não variaram, com a inclusão dos efeitos de interação no modelo. Nas análises de características múltiplas, em geral, os componentes de variâncias genéticas foram maiores que os obtidos em análises de características únicas, resultando em estimativas de herdabilidades maiores (0,34 a 0,39). Correlações genéticas entre as duas classes de desvio-padrão foram iguais a 1,0, em todas as análises. Quando os efeitos de interação foram considerados nas análises, as correlações entre os valores genéticos praticamente não alteraram. O logaritmo natural da função de verossimilhança aumentou ($P < 0,01$), para produção de gordura, em análises de características múltiplas, quando se incluiu o efeito da interação no

modelo. Assim, verifica-se que as interações reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano não foram eficientes para corrigir a heterogeneidade de variância, e apesar de serem observadas variâncias heterogêneas, estas poderiam ser desconsideradas nas avaliações genéticas, sem afetar a acurácia dos valores genéticos dos animais.

ABSTRACT

BUENO, Rachel Santos, M. S., Universidade Federal de Viçosa, february 2003. **Variations heterogeneity in the genetic evaluation of the Brown Swiss animals in Brazil.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Committee members: Paulo Sávio Lopes and Ricardo Frederico Euclides.

Aiming to evaluate the effect from the variance heterogeneity in the genetic evaluation of the Brown Swiss animals in Brazil, the registers of the milk and milk fat production were used to determine either the variance components and the sire's genetic values, by using through the MTDFREML program. So, three models were used, without and with interaction of either sire x herd or sire x herd-year, where the genetic group, season of calving, and herd -year class were considered as fixed effects, whereas the effects from the animals, permanent environment, the interaction when considered in the model, and the error were considered as random ones, in the univariate and multitrait analyses. The likelihood ratio test was applied to verify the effectiveness in including the interaction effects into the models. When studying the effects from the interaction of sire x herd and the sire x herd-year upon the genetic evaluation of sires, multitrait models for milk and fat production were used. The variance components practically did not alter and the heritability coefficients were close to each other. The heritability estimate went of 0,40 to both characteristics, and the genetic correlation among the characteristics of 0,94, except when the model considered the effect of the

interaction sire x herd, where for fat production, the heritability went of 0,39, and the genetic correlation among the characteristics of 0,95. The natural logarithm of the likelihood function increased ($P < 0,01$), when the interaction effects were included into models. Pearson and Spearman correlations among the genetic values obtained by these different models were superior to 0.99, for milk and fat production, and above 0.90 between the appraised characteristics. Therefore, the interactions of sire x herd and the sire x herd-year caused no changes in the classification of the sires, and there was no need for considering them into the genetic evaluation models. In order to analyze the importance of the variance heterogeneity between herds and the effectiveness in including the interaction of sire x herd and sire x herd-year as an adjust factor for this heterogeneity, the data were stratified into two classes, based on the phenotypic standard deviation of the herds, for milk production, adjusted to two daily milkings, to a lactation period of 305 days, and the cow's adult age. The components of variance for milk and fat production were obtained in general univariate analyses, in univariate analyses, in each class of standard deviation and in multitrait analyses, in that the characteristic in each class of the phenotypic standard deviation was considered to be a different characteristic. The components of the genetic additive and residual variances were higher in the class of high phenotypic standard deviation, and they reduced or practically did not vary with the inclusion of the interaction effects into the model. In the multitrait analyses, the components of the genetic variance were generally higher than those obtained in the univariate analyses, so resulting into higher heritability estimates (0,34 a 0,39). The genetic correlations between both standard deviation classes were equal to 1.0 in all analyses. When considering the interaction effects in the analyses, the correlations among the genetic values practically did not change. When including the effect into the model, the natural logarithm of the likelihood function increased ($P < 0,01$) for fat production in the multitrait analyses. Therefore, it was found that the interactions of sire x herd and sire x herd-year were not efficient to correct the variance heterogeneity, and although the

heterogeneous variances was observed, these might be disregarded in the genetic evaluations without affecting the accuracy of the animals' genetic values.

INTRODUÇÃO GERAL

O conhecimento dos aspectos genéticos de uma população é essencial para a obtenção de informações que venham orientar os produtores e técnicos na identificação e acasalamento de animais geneticamente superiores, visando um progresso genético maior nos programas de seleção.

Valores acurados para os parâmetros genéticos são necessários para se avaliarem programas de melhoramento, assim como para a predição dos valores genéticos.

Os parâmetros genéticos são funções dos componentes de (co)variâncias, informam sobre a natureza genética das características e são importantes para predizer as respostas diretas e correlacionadas da seleção.

Estimativas de componentes de variâncias têm se mostrado heterogêneas de acordo com diferentes níveis de produção e classes de desvio-padrão fenotípico dos rebanhos. Esta propriedade das variâncias proporciona desvios que acarretam riscos de serem selecionados maiores proporções de animais dos rebanhos de maior variabilidade fenotípica e não necessariamente de maior valor genético, podendo assim, reduzir o progresso genético esperado.

A maioria dos procedimentos de avaliação genética, em gado de leite, assume variâncias genéticas e residuais homogêneas entre rebanhos. Com isso, se as variâncias aumentam com o incremento na média de produção e são

assumidas homogêneas, poderão induzir a vícios na avaliação genética, podendo os animais serem classificados de forma errônea.

Diante deste problema, e sua importância evidente, os objetivos do presente estudo foram:

- avaliar o efeito da inclusão da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano nos modelos de avaliação genética;
- determinar a existência de heterogeneidade de variância entre rebanhos; e
- verificar os efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano como fatores de ajustamento para variâncias heterogêneas.

REVISÃO DE LITERATURA

A interação genótipo x ambiente é de interesse para o melhoramento genético animal. Alguns pesquisadores (Hammond, 1947, citado por SILVA, 1990) são a favor da seleção em ambiente superior para que o animal possa mostrar todo o seu potencial, enquanto outros sugerem que a seleção dos futuros reprodutores seja feita em condições ambientais semelhantes às que suas progênes serão submetidas (LUSH, 1964).

FALCONER (1952) considerou o desempenho de uma mesma característica em dois ambientes diferentes como características distintas, com correlações genéticas entre elas. Se a correlação genética for alta, o desempenho nos dois ambientes representará, aproximadamente, o mesmo caráter, determinado pelo mesmo grupo de genes e, se não houver circunstâncias especiais que afetam a herdabilidade ou a intensidade de seleção, haverá pouca diferença no ambiente em que a seleção for realizada; se for baixa, as características são consideradas diferentes e alto desempenho ou baixo desempenho exigirão grupos diferentes de genes. Então, seria mais vantajoso conduzir a seleção no ambiente onde a população deve viver a menos que a herdabilidade ou a intensidade de seleção, no outro ambiente, seja consideravelmente mais alta.

Correlações genéticas provêm informações sobre a interação genótipo x ambiente e podem ser usadas para quantificar a perda de informação ao se

usar registros de produção de um ambiente diferente daquele onde os animais selecionados irão ser usados.

As pesquisas têm revelado que, na seleção dos melhores animais num ambiente de alta qualidade de manejo, há tendência de selecionar genótipos com elevado valor de resposta. Em contraste, na seleção dos melhores num ambiente de baixa qualidade, há tendência de selecionar, genótipos com baixa capacidade de resposta à melhoria de ambiente. Com base nessa informação, ressalta-se a tendência das respostas dos animais se associarem, negativamente, às médias fenotípicas nos ambientes de baixa qualidade e, positivamente, às médias nos ambientes de alta qualidade. Nos ambientes de qualidade intermediária, não há nenhuma tendência definida de associação entre a média fenotípica e a resposta dos animais. Desses resultados, conclui-se que o ambiente de seleção condiciona os resultados do processo de melhoramento (REIS e LÔBO, 1991).

STANTON et al. (1991) apresentaram duas situações em que diferenças nas respostas à seleção seriam verificadas em ambientes diferentes, caracterizando a interação genótipo x ambiente. A primeira situação ocorre quando a correlação genética entre a expressão fenotípica em dois ambientes seria, substancialmente, menor que 1,0, indicando que bases genéticas diferentes estariam atuando nos diferentes ambientes; Outra situação que caracteriza a interação genótipo x ambiente seria resultante da heterogeneidade de variâncias, como no caso das avaliações de características simples, em que os reprodutores teriam a mesma classificação em cada ambiente, mas as diferenças na resposta à seleção das filhas e nos valores genéticos dos touros seriam menores no ambiente com menor variabilidade.

A heterogeneidade de variâncias, nos registros de produção, é atribuída a muitos fatores, dentre eles, a variabilidade genética entre rebanhos, que sendo importante para o processo de seleção, deve ser considerada na avaliação genética dos animais.

Diferenças entre rebanhos na variabilidade de produção, geralmente são resultados de diferenças em fatores climáticos, regionais ou locais, e de

tipos de manejo, incluindo fatores como intensidade de alimentação, fornecimento de alimentação de acordo com a produção, sucesso dos programas de controle de doenças e qualidade nos procedimentos de criação dos reprodutores jovens (VINSON, 1987).

A variabilidade ambiental pode diminuir devido ao tratamento mais unificado de todas as vacas, que recebem a mesma quantia de alimento ou pode aumentar, se vacas em um rebanho receberem dietas mais diversificadas quando adultas que no passado. Estes fatores podem ser responsáveis por mudanças nos componentes de variâncias de um nível para outro em um ano, ou de um ano para outro (DE VEER e VAN VLECK, 1987).

Segundo VAN DER WERF et al. (1994), tem sido constatado que o aumento da produção, com o passar dos anos, está associado a um acréscimo no desvio-padrão fenotípico nas características de produção, o que, conseqüentemente, leva à presença de variâncias heterogêneas entre anos. Para esses autores, mesmo quando são realizadas análises com correção para presença de variâncias heterogêneas, outras fontes de viés ainda podem permanecer, mais especificamente o efeito do tratamento preferencial aplicado às mães de touros.

Normalmente, a heterogeneidade de variância genética aditiva ou residual dentro de rebanho se deve aos acasalamentos e aos tratamentos preferenciais dados a determinados reprodutores. NORMAN (1974) propõe como alternativa para limitar o efeito do tratamento preferencial entre rebanhos, a inclusão da interação reprodutor-rebanho no modelo estatístico, na forma de correlação ambiental. No entanto, lembra que a heterogeneidade de variância pode ser responsável por parte do componente de variância atribuído à interação.

Alguns trabalhos, como os de CANAVESI et al. (1995) e ARAÚJO (2000), verificaram que o uso da interação reprodutor-rebanho não se mostrou efetivo como forma de ajustar a heterogeneidade de variâncias.

Segundo VINSON (1987), as avaliações genéticas em gado de leite apresentam as seguintes características: a) os rebanhos diferem,

apreciavelmente, na produção de leite; b) as diferenças tendem a ser relativamente constantes, com o tempo; c) as diferenças genéticas aditivas contribuem com parte da variação entre os rebanhos; e d) as diferenças entre rebanhos, em termos de variação, podem apresentar efeito potencialmente importante nas avaliações genéticas, particularmente nas vacas.

No entanto, a maioria dos procedimentos de modelos mistos na avaliação genética de gado de leite assume variâncias genéticas e residuais homogêneas entre rebanhos, sem considerar o nível de produção ou a variância estimada dentro de rebanhos. Assim, há necessidade de se conhecer as formas de ajustes que podem ser usadas para estabilizar as variâncias e de se considerar as diferenças de herdabilidades nos rebanhos, nas avaliações genéticas.

Transformações logarítmicas dos dados têm sido propostas como um método para estabilizar as variâncias entre rebanhos (DE VEER e VAN VLECK, 1987; BOLDMAN e FREEMAN, 1990; TORRES, 1998). Seu uso se torna atraente pela simplicidade computacional, porém não estabilizam as variâncias, pois existem diferenças remanescentes em variabilidade entre rebanhos que não são consideradas (HILL et al., 1983). A transformação dos dados apenas reduz, mas não remove toda a heterogeneidade de variância (VALÊNCIA et al., 1998). Transformações logarítmicas só seriam adequadas para estabilizar as variâncias se a correlação entre a média e o desvio-padrão fosse 1,0, caso contrário não se removeria a heterocedasticidade (BOLDMAN e FREEMAN, 1990). Segundo GARRICK e VAN VLECK (1987) transformações logarítmicas das produções podem ser um pior método do que, simplesmente, ignorar a heterogeneidade de variâncias.

Homogeneidade de variâncias não é um requerimento nas análises para obtenção de soluções BLUP de valores genéticos (HENDERSON, 1984; GIANOLA, 1986). Contanto que as estimativas de variâncias e covariâncias heterogêneas estejam disponíveis, a metodologia de modelos mistos com soluções BLUP, tem a capacidade de pesar apropriadamente as informações individuais e de progênie para rebanhos com diferentes variâncias.

Uma alternativa para solucionar os problemas associados à heterogeneidade de variâncias seria a estratificação dos dados baseada em algum critério, e posterior análises 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. No entanto, nem sempre é possível implementá-la devido a dificuldades computacionais, à necessidade do conhecimento prévio das variâncias e covariâncias, e ainda, da complexa utilização dos resultados pelos produtores (TORRES et al., 2000).

A estratificação constitui-se no método mais comum para detectar heterogeneidade de variâncias entre os rebanhos, embora introduza-se a possibilidade de erro nas estimativas das variâncias genéticas e residuais, pois é um processo análogo à seleção. Um maior número de níveis permitiria maior precisão, porém menor número de registros ficaria disponível para estimar as variâncias em cada nível (VALÊNCIA et al., 1998).

FAMULA (1989) questionou o uso de grupos de rebanhos subdivididos em níveis de baixa, média e alta produção, alegando que as estimativas de variâncias são divididas (selecionadas) dentro de uma base estratificada. A estratificação sobre uma característica correlacionada iria afetar a estimativa de variância, dada que a estratificação está relacionada às estimativas de variâncias de dados submetidos à seleção. Deste modo, o autor sugere que a heterogeneidade de variâncias deveria ser estimada para cada rebanho ou sob alguma outra estratégia livre de seleção.

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

WINKELMAN e SCHAEFFER (1988), com o objetivo de estimar componentes de variâncias de reprodutor e residual para rebanhos canadenses, notaram que a alternativa é impraticável, devido ao grande número de rebanhos com poucas observações. Os autores relatam que a acurácia da estimativa de componentes de variâncias dentro de rebanhos, poderia influenciar a efetividade da avaliação para a heterogeneidade de variâncias, uma vez que amostras de tamanhos pequenos poderiam conduzir a grandes erros de amostragens sobre as estimativas.

Se a heterogeneidade de variâncias for ignorada quando existir, a produção de filhas de determinado reprodutor será ponderada na proporção dos desvios-padrão dos rebanhos nos quais elas foram criadas. O resultado é que produções das filhas, em rebanhos mais variáveis influenciarão mais a avaliação de reprodutores do que produções das filhas oriundas de rebanhos menos variáveis (VINSON, 1987).

A heterogeneidade de variâncias tem maior efeito na avaliação genética de fêmeas, pois essas são avaliadas dentro de rebanho, e seus valores genéticos preditos seriam grandemente afetados pela variância dentro de rebanho, o que tende a ser uniforme ao longo do tempo. Ignorar a heterogeneidade de variâncias nas avaliações de fêmeas tenderia a favorecerem fêmeas que produziram em rebanhos com elevada variância, ocorrendo o oposto para fêmeas em rebanhos com baixa variância. De importância prática, seria a tendência provável existente nas avaliações de vacas de alta produção, escolhidas como mães de futuros reprodutores em inseminação artificial. A longo prazo, pode-se dizer que qualquer tendência nas avaliações de fêmeas se acumularia ao longo dos tempos, pois filhas e mães tendem a expressar produções no mesmo rebanho (TORRES, 1998).

A extensão do problema depende da causa. Quando a heterogeneidade é causada por fatores ambientais, então a avaliação genética de um animal pode ser mais devido ao ambiente em que ele é criado em vez de sua constituição genética. Se a heterogeneidade de variâncias surge de fatores genéticos, então o problema pode não existir.

Heterogeneidade de variâncias dentro de rebanhos, para características de produção de leite têm sido vastamente estudada (HILL et al., 1983; LOFGREN et al., 1985; DE VEER e VAN VLECK, 1987; BOLDMAN e FREEMAN, 1990; DONG e MAO, 1990; STANTON et al., 1991; MEUWISSEN e VAN DER WERF, 1993; COSTA, 1998; TORRES, 1998; ARAÚJO, 2000). Maiores variâncias genética e residual à medida que a média de produção ou o desvio-padrão dentro de rebanho aumenta têm sido evidenciado em vários trabalhos (BOLDMAN e FREEMAN, 1990; DONG e MAO, 1990; TORRES, 1998; ARAÚJO, 2000; ARAÚJO et al., 2002). A maioria destes estudos mostram altas estimativas de herdabilidade, à medida que a variabilidade das produções dentro de rebanho aumenta (HILL et al., 1983; LOFGREN et al., 1985; DE VEER e VAN VLECK, 1987; DONG e MAO, 1990; MEUWISSEN e VAN DER WERF, 1993; ARAÚJO, 2000).

Alta herdabilidade em rebanhos com alta média de produção, freqüentemente, tem sido explicada como resultado do melhor ambiente, possibilitando a melhor expressão do verdadeiro potencial genético (VINSON, 1987).

LOFGREN et al. (1985) estimaram herdabilidade para produção de leite em três níveis de desvio-padrão para vacas Holandesas e Jersey. O aumento da variância de reprodutor, com o aumento do desvio-padrão de rebanho, foi proporcionalmente maior do que o aumento da variância residual, produzindo herdabilidades mais altas em rebanhos com alto desvio-padrão. As herdabilidades aumentaram com o desvio-padrão de rebanho, aproximadamente, 17% (0,18 para 0,21) para Holandês, e 46% (0,25 para 0,37) para Jérseis.

HILL et al. (1983) estratificaram os rebanhos pela produção de leite, de acordo com a média, variância e coeficiente de variação (CV), em níveis alto e baixo, para estimar herdabilidades para produções de leite, gordura e proteína, e porcentagem de gordura e proteína. Herdabilidades para as características de produção foram mais altas nos níveis altos de produção, com maiores diferenças de herdabilidades entre os níveis alto e baixo de variância.

Resultados para os componentes do leite foram similares, exceto nos rebanhos com nível baixo de CV, onde as estimativas de herdabilidades foram ligeiramente mais altas.

Assumir variâncias homogêneas não tem grande efeito nas avaliações de reprodutores, se os reprodutores são usados em rebanhos de diferentes níveis de produção, e a herdabilidade aumenta com o aumento das variâncias residuais (GARRICK e VAN VLECK, 1987; VINSON, 1987; WINKELMAN e SCHAEFFER, 1988). Porém, quando as herdabilidades são menores no ambiente no qual as variâncias residuais são maiores, reduções na eficiência de seleção de reprodutores podem acontecer por considerar erroneamente que as variâncias são homogêneas.

Num estudo de simulação, GARRICK e VAN VLECK (1987) observaram redução no ganho genético de até 3,4% quando o efeito da heterogeneidade de variâncias foi ignorado em esquemas de teste de progênie. Isto resultou em seleção de ambientes com baixa herdabilidade, porque estes ambientes são mais variáveis. Quando a herdabilidade aumentou com o aumento da variabilidade, a redução foi de somente 0,1%.

Heterogeneidade de variâncias entre rebanhos resulta em redução na resposta à seleção e implica em desigual progresso genético entre ambientes classificados pelo desvio-padrão de rebanho. Portanto, ignorar a heterogeneidade de variâncias tem conseqüências na seleção e no ganho genético, reduzindo a efetividade de um programa de melhoramento genético (HILL, 1984; VAN VLECK, 1987; VINSON, 1987).

NORMAN (1974) achou que o impacto da seleção de reprodutores para o aumento da produção de leite foi maior em rebanhos de alta produção que em rebanhos de baixa produção.

Maior resposta de seleção e, por conseguinte, uma taxa mais rápida de melhoria genética, foi relatada para rebanhos de alta variabilidade em países latinos americanos (México, Colômbia e Porto Rico) (STANTON et al., 1991).

Segundo VINSON (1987), a proporção de animais selecionados de ambientes mais variáveis aumenta com a intensidade de seleção imposta. HILL (1984), para uma distribuição normal dos dados, mostrou que se o desvio-padrão de populações mais variáveis é 50% maior do que as menos variáveis, e a proporção de animais selecionadas é 0,01, 95% dos indivíduos selecionados são provenientes de populações mais variáveis.

WINKELMAN e SCHAEFFER (1988) utilizaram registros de primeira lactação de vacas holandesas no Canadá, com o objetivo de verificar o efeito da heterogeneidade de variâncias dentro de rebanhos na avaliação genética de touros. Os rebanhos foram agrupados pelo nível de produção em: baixa (menor que um desvio-padrão abaixo da média), média e alta (maior que um desvio-padrão acima da média), de acordo com suas respectivas estimativas de variâncias de touro e residual, formando nove grupos de variâncias. Três modelos foram utilizados, sendo um desconsiderando a heterogeneidade de variâncias e dois considerando a heterogeneidade, sendo que nas estimativas de covariâncias entre os grupos de variâncias dos rebanhos assumiu-se uma matriz de variâncias e covariâncias genéticas não-singular e no outro modelo assumiu-se uma matriz em que todas as correlações genéticas foram iguais a um, o que reduziu a uma análise de característica simples. As estimativas de (co)variâncias genéticas entre grupos de rebanhos indicaram que as correlações entre os três maiores grupos de variâncias estavam acima de 0,80. Tais correlações foram altas, indicando pouco benefício nos cálculos para provas de touros se fosse usada uma matriz de variâncias e covariâncias genéticas não-singular em vez de uma singular.

BOLDMAN e FREEMAN (1990), usando registros de lactação obtidos nos EUA de 1976 a 1984, em um modelo animal que ignorava o parentesco entre os animais, para estimar variâncias genética e residual em diferentes níveis de produção ignorando a covariância genética entre os níveis, encontraram aumento das variâncias genética, residual e de ambiente permanente com o nível de produção. Estimativas de herdabilidade e repetibilidade foram menores no nível baixo, mas similares nos níveis de

média e alta produção. As vacas e os reprodutores foram avaliados por três modelos. Os modelos 1 e 2 assumiram variâncias constantes e produções não transformadas ou produções log-transformadas. O modelo 3 usou produções não transformadas e variâncias específicas para os três níveis de produção. Analisando a classificação dos melhores reprodutores, os autores constataram que 23 dos 26 melhores touros com o modelo com variância ajustada, também foram agrupados entre os 5% melhores com o modelo não ajustado, indicando que a distribuição por nível de produção das filhas não foi aleatória. As avaliações de vacas, no entanto, foram mais sensíveis à heterogeneidade de variâncias, sendo que para todos os modelos, maiores porcentagens de vacas-elite foram encontradas nos rebanhos de alto nível de produção.

DONG e MAO (1990) usaram um modelo reprodutor em análise de características múltiplas, para estimar componentes de covariâncias e variâncias de reprodutor e residual para diferentes níveis de variância e produção dentro de rebanho. Os dados foram estratificados em três grupos, de acordo com os níveis de variância dentro de classe rebanho-ano, variância dentro de rebanho, produção dentro de classe de rebanho-ano e produção do rebanho. Estratificar os dados pela variância dentro de rebanho-ano foi a maneira mais efetiva de produzir estimativas heterogêneas de componentes de variância e de herdabilidade. Em cada um dos métodos de estratificação, as estimativas de componentes de covariância entre grupos foram maiores nos níveis de produções maiores, especialmente quando a variância dentro de classe de rebanho-ano foi o critério. Entretanto, todas as correlações genéticas entre grupos foram próximas à unidade. Os reprodutores seriam ordenados de forma semelhante em grupos de variâncias diferentes dentro de classe rebanho-ano, mas a magnitude das diferenças entre reprodutores, foi maior nos grupos de alta variância dentro de classe de rebanho-ano, que nos de baixa variância.

COSTA (1999) utilizou registros de produção de leite e gordura, para estudar a heterogeneidade de variâncias entre rebanhos, os quais foram classificados em dois grupos (baixo e alto) com base no desvio-padrão

fenotípico da produção de leite por rebanho-ano. Os componentes de variâncias de reprodutor e de resíduo para produção de leite e gordura nos rebanhos de baixo desvio-padrão foram menores que nos rebanhos de alto desvio-padrão fenotípico. As correlações genéticas para produção de leite e gordura entre os dois grupos de rebanhos foram próximas a 1,0. O autor concluiu que as avaliações genéticas no Brasil devem considerar a heterogeneidade de variâncias para aumentar a precisão das avaliações e a eficiência de seleção para a produção de leite e gordura na raça Holandesa.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, C. V. de. *Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa*. Viçosa, MG: UFV, 2000. 80 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- ARAÚJO, C. V., TORRES, R. A., RENNÓ, F. P., PEREIRA, J. C., TORRES FILHO, R. A., ARAÚJO, S. I., PIRES, A. V., RODRIGUES, C. A. F. Heterogeneidade de variancia na avaliação genética de reprodutores da raça pardo-Suíça no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 31, n. 3, p. 1343-1349, 2002.
- 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.
- CANAVESI, F., SCHAEFFER, L. R., BURNSIDE, E. B., JANSEN, G. B., ROZZI, P. Sire by herd interaction effect when variances across herds are heterogeneous. II. Within-herd variance component estimates. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 112, n. 2, p. 107-116, 1995.
- COSTA, C. N. *Genetic relationships for milk and fat yields between Brazilian and United States Holstein cattle populations*. Ithaca (NY): Cornell University, 1998. 175 p. Thesis (Doctor of Philosophy) - Ithaca (NY), 1998.
- COSTA, C. N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in Brazilian herd environments. *Genetic and Molecular Biology*, v. 22, n. 3, p. 375-381, 1999.

- DE VEER, J. C., VAN VLECK, L. D. 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.
- DONG, M. C., MAO, I. L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. *Journal of Dairy Science*, v. 73, n. 3, p. 843-851, 1990.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *Am. Nat.*, v.86, n.830, p.293-298, 1952.
- FAMULA, T. R. Detection of heterogeneous variance in herd production groups. *Journal of Dairy Science*, v. 72, n. 3, p. 715-721, 1989.
- GARRICK, D. J., VAN VLECK, L. D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. *Journal of Animal Science*, v. 65, n. 2, p. 409-421, 1987.
- GIANOLA, D. Selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. *Theoretical Applied Genetic*, v. 72, n. 5, p. 671-677, 1986.
- HENDERSON, C. R. *Application of linear models in animal breeding*. Ithaca: University of Guelph, 1984. 462 p.
- HILL, W. G. On selection among groups with heterogeneous variance. *Animal Production*, v. 39, n. 3, p. 473-477, 1984.
- HILL, W. G., EDWARDS, M. R., AHMED, M. K. A., THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Animal Production*, v.36, n.1, p. 59-68, 1983.
- LOFGREN, D. J., VINSON, W. E., PEARSON, R. E. et al. Heritability of milk yield at different herd means and variance for production. *Journal of Dairy Science*, v. 68, n. 10, p. 2737-2739, 1985.
- LUSH, J.L. *Melhoramento genético dos animais domésticos*. Rio de Janeiro, SEDEGRA. 1964. 570p.
- MEUWISSEN, T. H. E., VAN DER WERF, J. H. J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. *Livestock Production Science*, v. 33, p. 31-41, 1993.
- NORMAN, H. D. Factors that should be considered in a national sire summary model. *Journal of Dairy Science*, v.57, n.7, p. 955-962, 1974.

- REIS, J. de C., LÔBO, R. B. *Interação genótipo-ambiente nos animais domésticos*. Ribeirão Preto: J.C.R./R.B.L., 1991. 194p.
- SILVA, L.O.C. *Tendência genética e interação genótipo x ambiente em rebanhos Nelore, criados a pasto no Brasil/Central*. Viçosa, 1990. 113p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1990.
- STANTON, T. L., BLAKE, R. W., QUAAS, R. L., VAN VLECK, L. D., CARABAÑO, M. J. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico and Porto Rico. *Journal of Dairy Science*, v. 74, n. 5, p. 1700-1714, 1991.
- TORRES, R.A. *Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil*. Belo Horizonte: UFMG, Escola de Veterinária, 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.
- VALÊNCIA, E. F. T., RAMOS, A. A., WECHSLER, F. S., GONÇALVES, H. C. Heterogeneidade dos componentes de variância na produção de leite de rebanhos dos estados de São Paulo e Paraná, Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35, 1998, Botucatu. *Anais...* Botucatu: SBZ, 1998. p. 488-490.
- VAN DER WERF, J. H. J., MEUWISSEN, T. H. E., DE JONG, G. Effects of correction of variance on bias and accuracy of breeding value estimation in dutch dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, v. 77, n. 10, p.3174-3184, 1994.
- VAN VLECK, L. D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. *Journal of Dairy Science*, v. 70, n. 1, p. 337-344, 1987.
- WINKELMAN, A., SCHAEFFER, L. R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, v. 71, n. 11, p. 3033-3039, 1988.
- 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.

CAPÍTULO I

EFEITO DA INTERAÇÃO REPRODUTOR X REBANHO E REPRODUTOR X REBANHO-ANO NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA PARDO-SUIÇA

RESUMO

Registros de produção de leite e de gordura foram utilizados com o objetivo de verificar o efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano sobre as estimativas de componentes de variância e sobre a avaliação genética de reprodutores da raça Pardo-Suíça. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se três modelos de características múltiplas, que consideravam como efeitos fixos, grupo genético, estação de parto e classe de rebanho-ano, e como aleatórios, os efeitos de animal, de ambiente permanente, de interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano, quando considerada no modelo, e do erro. O teste da razão de verossimilhança foi aplicado para verificação da efetividade da inclusão dos efeitos de interação nos modelos. As estimativas de componentes de (co)variâncias genética aditiva e residuais praticamente não alteraram quando os modelos foram ajustados para os efeitos de interação. Como conseqüência, os coeficientes de herdabilidade foram próximos entre si. A estimativa de herdabilidade foi de 0,40 para ambas características e, a correlação genética entre as características de 0,94, exceto quando o modelo considerou o efeito da interação reprodutor x rebanho, onde para produção de gordura, a herdabilidade foi de 0,39, e a correlação genética entre as características de 0,95. A proporção da variância total explicada pela interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano foram baixas, sendo quase nulas para produção de leite, e em torno de 1%, para produção de gordura. O logaritmo natural da função de verossimilhança aumentou ($P < 0,01$) quando se incluiu os efeitos de interação nos modelos. As

correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos obtidos pelos diferentes modelos, foram superiores a 0,99, para produção de leite e gordura, e acima de 0,897, entre as características estudadas. Os resultados mostraram que as interações estudadas podem ser desconsideradas na avaliação genética da raça Pardo-Suíça no Brasil para as características produção de leite e de gordura do leite.

CHAPTER I

EFFECT OF THE INTERACTIONS OF SIRE X HERD AND SIRE X HERD-YEAR ON THE GENETIC EVALUATION OF BROWN SWISS ANIMALS

ABSTRACT

Registers of milk and fat productions were used in order to verify the effects of the interactions of sire x herd and sire x herd-year on the estimates of either the variance components and the genetic evaluation of the Brown Swiss sires. The (co)variance components were estimated by the restricted maximum likelihood method, by using three models with multitrait. In these models, the genetic group, season of calving, and herd-year class were considered as fixed effects, while the effects of the animal, the permanent environment, the interaction of either sire x herd or sire x herd-year were considered as random ones, when the interaction was considered in the model, and the error as well. The likelihood ratio test was applied to verify the effectiveness in including the interaction effects into models. The estimates of components of the genetic additive and residual (co)variances practically were not altered, when the models were adjusted for the interaction effects. Therefore, the heritability coefficients approximated to each others. The heritability estimate went of 0,40 to both characteristics, and the genetic correlation among the characteristics of 0,94, except when the model considered the effect of the interaction sire x herd, where for fat production, the heritability went of 0,39, and the genetic correlation among the characteristics of 0,95. The proportion of the total variance explained by the sire x herd and the sire x herd -year interactions was low, but almost null for milk production, and about 1% for fat production. The natural logarithm of the likelihood function increased ($P < 0,01$), when the interaction effects were included into the used models. Pearson and Spearman correlations among the

genetic values obtained by these models were superior to 0.99 for both milk and fat productions, and above 0.897 between the studied characteristics. According to the results, the studied interactions may be disregarded in the genetic evaluation of the Brown Swiss in Brazil for the characteristics of milk and fat productions.

INTRODUÇÃO

A avaliação genética de reprodutores leiteiros baseia-se na produção de suas filhas, envolvendo dados provenientes de rebanhos com diferentes sistemas de manejo. Quando diferenças entre progênes de um mesmo reprodutor não são as mesmas em diferentes rebanhos ocorre a interação reprodutor x rebanho. A interação pode interferir nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção dependendo do ambiente (HENDERSON, 1984).

Segundo STANTON et al. (1991) existem duas formas de interação genótipo x ambiente. Uma ocorre quando a correlação genética para a mesma característica avaliada em dois ambientes é significativamente pequena, sugerindo que a classificação dos animais baseada nos valores genéticos preditos para cada ambiente pode não ser a mesma. A outra forma ocorre quando a correlação genética é alta, mas a magnitude das diferenças entre os valores genéticos dos animais é diferente entre ambientes, sendo a heterogeneidade de variâncias indicada como causa desta forma de interação genótipo x ambiente.

A semelhança entre filhas de um touro em um mesmo rebanho reflete tanto a interação genótipo x ambiente, como a covariância ambiental entre o desempenho de meio-irmãs paternas, companheiras de rebanho (MEYER, 1987; BANOS e SHOOK, 1990). Esta é causada por outros fatores que não o pai comum, sendo a maior parte decorrente do tratamento diferenciado dado a filhas do mesmo reprodutor, submetidas a condições semelhantes de ambiente.

Se a interação reprodutor x rebanho é incluída no modelo de avaliação genética, a influência das observações provenientes de poucos rebanhos seria mais limitada na avaliação dos reprodutores, podendo não afetar consideravelmente a avaliação de animais com progênes em muitos rebanhos. No entanto, ignorá-la, aumentaria as estimativas de variância genética aditiva, o que levaria a uma subestimação dos valores genéticos dos reprodutores e de sua acurácia. Assim, este efeito é mais importante para avaliação de vacas,

visto que elas têm suas produções em um único rebanho (VINSON, 1987) e touros em serviço de monta natural do que touros utilizados em inseminação artificial (TEIXEIRA et al., 1992), pois se espera que os últimos possuam filhas espalhadas em vários rebanhos, e que as correlações de meio ambiente entre as mesmas no mesmo rebanho, seja menor do que aquela entre filhas em poucos rebanhos.

A existência de interação genótipo x ambiente tem sido testada pela estimação de componentes de variância comparando-se modelos que incluam ou não, o efeito de interação genótipo x ambiente (MEYER, 1987; BANOS e SHOOK, 1990; DIMOV et al., 1995). Uma outra maneira de detectar a presença de interação genótipo x ambiente seria por meio da comparação entre as classificações dos animais de acordo com os valores genéticos preditos, por meio dos modelos citados anteriormente (MOHAMMAD et al., 1982; BASU e CHATTARAJI, 1988). Porém, para que a mudança na classificação dos animais seja considerada como um efeito da interação genótipo x ambiente, é preciso que tal mudança seja significativa.

NORMAN (1974) recomendou a inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho no modelo estatístico, na forma de correlação ambiental, para limitar o efeito do tratamento preferencial entre rebanhos.

COSTA (1999) reportou que a estimativa da variância referente à interação reprodutor x rebanho, tem representado cerca de 1 a 4% da variação total da produção de leite.

Este trabalho teve como objetivo estimar os componentes de variâncias para o efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano sobre a produção de leite e de gordura do leite, em registros de lactações de vacas da raça Pardo-Suíça, e verificar a importância da inclusão destes efeitos no modelo de avaliação genética dos reprodutores.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados são provenientes do Controle Leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Gado Pardo-Suíço (ABCGPS), fornecidos pelo convênio mantido entre o Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa e a ABCGPS. O conjunto inicial de dados possuía 12.066 registros de lactações de 5.798 vacas distribuídas em 269 rebanhos, com parições nos anos de 1980 a 2002.

Os dados foram editados para eliminação de registros de produção e ascendência incompletas, lactações encerradas por causas anormais de secagem, lactações inferiores a 150 e superiores a 450 dias, registros de produção de leite inferiores a 1.000 kg ou superiores a 15.000 kg, e ainda, idade da vaca no parto menores que 18 e maiores que 197 meses, sendo somente os registros das quatro primeiras lactações considerados, devido ao número reduzido de observações nas lactações seguintes.

Quatro estações de parto foram estabelecidas de acordo com os meses de parto da vaca: estação 1, corresponde aos meses de janeiro a março, estação 2, abril a junho, estação 3, julho a setembro e estação 4, outubro a dezembro. Com base na informação de ascendência e origem dos animais, as vacas foram classificadas em três grupos genéticos: 1) formado por vacas Pardo-Suíças puras de origem (PO); 2) vacas Pardo-Suíças puras por cruzamento (PC) e 3) vacas Pardo-Suíças puras de origem importada (POI) (animais nascidos fora do Brasil e importados). Posteriormente, os efeitos fixos de ano e rebanho foram agrupados em classes.

Para que fosse possível investigar o efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano foi exigido que cada reprodutor possuísse, no mínimo, quatro filhas em dois diferentes rebanhos, e que cada classe de rebanho-ano tivesse, no mínimo, quatro observações. Após eliminações, o arquivo de dados para análise constituiu de 8.566 lactações, provenientes de 4.318 vacas, filhas de 152 reprodutores, as quais pariram nos anos de 1980 a 2000, em 138 rebanhos.

As lactações foram ajustadas previamente para número de ordenhas (duas ordenhas – 2x), duração da lactação (305 dias) e para a produção na idade adulta da vaca (72 e 69 meses de idade, para produção de leite e gordura, respectivamente) de acordo com os ajustes obtidos por RENNÓ (2001).

A estimação de componentes de (co)variâncias, parâmetros genéticos e a predição dos valores genéticos foram feitas utilizando o programa MTDFREML (*Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*), descrito por BOLDMAN et al. (1995), com modelo animal. O critério de convergência da variância dos valores do ‘simplex’ adotado foi de, no mínimo, 10^{-9} .

As análises foram conduzidas utilizando-se três modelos de características múltiplas, os quais consideraram como efeitos fixos grupo genético, estação de parto e rebanho-ano de parto e, como aleatórios, os efeitos de animal, de ambiente permanente, de interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano, quando consideradas no modelo, e do erro, e diferiam em relação a: 1) ausência do termo da interação; 2) inclusão da interação reprodutor x rebanho; e 3) modelo com a interação reprodutor x rebanho-ano.

O primeiro modelo, que ignora o efeito da interação, foi definido como:

$$\underset{\sim}{y}_i = \underset{\sim}{X}_i \underset{\sim}{\beta}_i + \underset{\sim}{Z}_{ai} \underset{\sim}{a}_i + \underset{\sim}{Z}_{pi} \underset{\sim}{p}_i + \underset{\sim}{e}_i, \quad [1]$$

em que: $\underset{\sim}{y}_i$ = vetor $n_i \times 1$, de n_i observações da característica i , i = produção de leite (1) e produção de gordura (2); $\underset{\sim}{X}_i$ = matriz $n_i \times f_i$, de incidência de níveis dos efeitos fixos na característica i ; $\underset{\sim}{\beta}_i$ = vetor $f_i \times 1$, de efeitos fixos referentes a característica i ; $\underset{\sim}{Z}_{ai}$ = matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos valores genéticos, contendo “1” na diagonal para a característica i ; $\underset{\sim}{a}_i$ = vetor $N_i \times 1$, de valores genéticos dos animais na característica i ; $\underset{\sim}{Z}_{pi}$ = matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos efeitos de ambiente permanente dos

animais, na característica i ; $p_i =$ vetor $N_i \times 1$, de valores referentes ao efeito de ambiente permanente dos animais na característica i ; e $e_i =$ vetor de resíduos da mesma dimensão de y_i , sendo $N =$ número de indivíduos, $n =$ número total de observações, e $f =$ número de classes de efeitos fixos.

Levando-se em conta uma distribuição conjunta das características, têm-se:

$$\begin{aligned} \underset{\sim}{y} &= \begin{bmatrix} y_1 \\ \underset{\sim}{y_2} \end{bmatrix}, & X &= \begin{bmatrix} X_1 & \phi \\ \phi & X_2 \end{bmatrix}, & \underset{\sim}{\beta} &= \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \underset{\sim}{\beta_2} \end{bmatrix} \\ Z_a &= \begin{bmatrix} Z_{a1} & \phi \\ \phi & Z_{a2} \end{bmatrix}, & Z_p &= \begin{bmatrix} Z_{p1} & \phi \\ \phi & Z_{p2} \end{bmatrix}, \\ \underset{\sim}{a} &= \begin{bmatrix} a_1 \\ \underset{\sim}{a_2} \end{bmatrix}, & \underset{\sim}{p} &= \begin{bmatrix} p_1 \\ \underset{\sim}{p_2} \end{bmatrix}, & \underset{\sim}{e} &= \begin{bmatrix} e_1 \\ \underset{\sim}{e_2} \end{bmatrix} \end{aligned}$$

em que: $y_1 =$ produção de leite e $y_2 =$ produção de gordura.

Admitindo-se que $\underset{\sim}{y}$, $\underset{\sim}{a}$, $\underset{\sim}{p}$ e $\underset{\sim}{e}$ tenham distribuição normal multivariada,

$$\begin{bmatrix} \underset{\sim}{y} \\ \underset{\sim}{a} \\ \underset{\sim}{p} \\ \underset{\sim}{e} \end{bmatrix} \sim \begin{bmatrix} X & \underset{\sim}{\beta} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G Z_a' + Z_p P Z_p' + R & Z_a G & Z_p P & R \\ & G Z_a' & G & \phi & \phi \\ & P Z_p' & \phi & P & \phi \\ & R & \phi & \phi & R \end{bmatrix}$$

tem-se que:

$$G = A \otimes G_0,$$

$$P = I_N \otimes P_0, \text{ e}$$

$$R = I_n \otimes R_0,$$

sendo: $A =$ matriz de numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número total de indivíduos (N); $G_0 =$ matriz $2 \times$

2, de variância e covariância genética aditiva entre as características avaliadas; e, \otimes operador produto direto (SEARLE, 1966).

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 \end{bmatrix},$$

em que: σ_{a11}^2 = variância genética aditiva da característica 1, e σ_{a12} , covariância genética aditiva entre as características; I_N = matriz identidade de ordem N, e

$$P_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{p11}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{p22}^2 \end{bmatrix};$$

em que: σ_{p11}^2 = variância referente ao efeito permanente de meio ambiente da característica 1; I_n = matriz identidade de ordem n, e

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & \sigma_{e12} \\ \sigma_{e21} & \sigma_{e22}^2 \end{bmatrix},$$

em que: σ_{e11}^2 = variância residual da característica 1, e σ_{e12} = covariância residual entre as características.

As equações do modelo misto [1] são descritas como:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_a & X'R^{-1}Z_p \\ Z_a'R^{-1}X & Z_a'R^{-1}Z_a + G^{-1} & Z_a'R^{-1}Z_p \\ Z_p'R^{-1}X & Z_p'R^{-1}Z_a & Z_p'R^{-1}Z_p + P^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_a'R^{-1}y \\ Z_p'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

O segundo modelo estatístico foi similar ao modelo 1, considerando o efeito da interação reprodutor x rebanho:

$$y_i = X_i \beta_i + Z_{ai} a_i + Z_{pi} p_i + Z_{(sxh)i} s_i + e_i, \quad [2]$$

em que: $Z_{(sxh)i}$ é uma matriz de dimensão $n_i \times h_i$, de incidência dos efeitos da interação reprodutor x rebanho, composta de zeros e uns, na característica i; e s_i é um vetor $h_i \times 1$, ou seja, igual ao número de níveis de interação

reprodutor x rebanho, na característica i; e levando em conta uma distribuição conjunta das características:

$$Z_{s_xh} = \begin{bmatrix} Z_{(s_xh)1} & \phi \\ \phi & Z_{(s_xh)2} \end{bmatrix}; \quad s = \begin{bmatrix} s_1 \\ \sim \\ s_2 \\ \sim \end{bmatrix};$$

os demais termos foram definidos no modelo (1);

Admitindo-se que \tilde{y} , \tilde{a} , \tilde{p} , \tilde{s} e \tilde{e} tenham distribuição normal multivariada,

$$\begin{bmatrix} \tilde{y} \\ \tilde{a} \\ \tilde{p} \\ \tilde{s} \\ \tilde{e} \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G Z_a' + Z_p P Z_p' + Z_{s_xh} S Z_{s_xh}' + R & Z_a G & Z_p P & Z_{s_xh} S & R \\ GZ_a' & G & \phi & \phi & \phi \\ PZ_p' & \phi & P & \phi & \phi \\ SZ_{s_xh}' & \phi & \phi & S & \phi \\ R & \phi & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

tem-se que:

$$S = I_h \otimes S_0,$$

sendo: G , P e R definidos anteriormente no modelo [1]. I_h = matriz identidade de ordem h, e

$$S_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{(s_xh)11}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{(s_xh)22}^2 \end{bmatrix};$$

em que: $\sigma_{(s_xh)ii}^2$ = variância referente à interação reprodutor x rebanho, para a característica i.

As equações do modelo misto [2] são descritas como:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_a & X'R^{-1}Z_p & X'R^{-1}Z_{s_xh} \\ Z_a'R^{-1}X & Z_a'R^{-1}Z_a + G^{-1} & Z_a'R^{-1}Z_p & Z_a'R^{-1}Z_{s_xh} \\ Z_p'R^{-1}X & Z_p'R^{-1}Z_a & Z_p'R^{-1}Z_p + P^{-1} & Z_p'R^{-1}Z_{s_xh} \\ Z_{s_xh}'R^{-1}X & Z_{s_xh}'R^{-1}Z_a & Z_{s_xh}'R^{-1}Z_p & Z_{s_xh}'R^{-1}Z_{s_xh} + S^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{a} \\ \hat{p} \\ \hat{s} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_a'R^{-1}y \\ Z_p'R^{-1}y \\ Z_{s_xh}'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

O terceiro modelo é semelhante ao (2), com a inclusão do efeito de interação reprodutor x rebanho-ano, em substituição a variável de interação reprodutor x rebanho:

$$\tilde{y}_i = X_i \tilde{\beta}_i + Z_{a_i} \tilde{a}_i + Z_{p_i} \tilde{p}_i + Z_{(s,hxy)_i} \tilde{t}_i + \tilde{e}_i, \quad [3]$$

onde: $Z_{(s,hxy)_i}$ é uma matriz de dimensão $n_i \times v_i$, de incidência dos efeitos da interação reprodutor x rebanho-ano, composta de zeros e uns; \tilde{t}_i é um vetor $v_i \times 1$, ou seja, igual ao número de níveis do efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, na característica i , e levando-se em conta, uma distribuição conjunta das características:

$$Z_{s,hxy} = \begin{bmatrix} Z_{(s,hxy)1} & \phi \\ \phi & Z_{(s,hxy)2} \end{bmatrix}; \quad \tilde{t} = \begin{bmatrix} \tilde{t}_1 \\ \tilde{t}_2 \\ \vdots \end{bmatrix};$$

os demais termos como descrito em (1);

e, admitindo-se que \tilde{y} , \tilde{a} , \tilde{p} , \tilde{t} e \tilde{e} tenham distribuição normal multivariada,

$$\begin{bmatrix} \tilde{y} \\ \tilde{a} \\ \tilde{p} \\ \tilde{t} \\ \tilde{e} \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G Z_a' + Z_p P Z_p' + Z_{s,hxy} T Z_{s,hxy}' + R & Z_a G & Z_p P & Z_{s,hxy} T & R \\ & G & \phi & \phi & \phi \\ & P Z_p' & P & \phi & \phi \\ & T Z_{s,hxy}' & \phi & T & \phi \\ & R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

tem-se que:

$$T = I_v \otimes T_0,$$

sendo: G , P e R definidos anteriormente no modelo [1] e I_v é uma matriz identidade de ordem v , e

$$T_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{(s,hxy)11}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{(s,hxy)22}^2 \end{bmatrix};$$

em que: $\sigma_{(s,hxy)ii}^2 =$ variância referente à interação reprodutor x rebanho-ano, para a característica i ;

As equações do modelo misto [3] são descritas como:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_a & X'R^{-1}Z_p & X'R^{-1}Z_{sxhxy} \\ Z_a'R^{-1}X & Z_a'R^{-1}Z_a + G^{-1} & Z_a'R^{-1}Z_p & Z_a'R^{-1}Z_{sxhxy} \\ Z_p'R^{-1}X & Z_p'R^{-1}Z_a & Z_p'R^{-1}Z_p + P^{-1} & Z_p'R^{-1}Z_{sxhxy} \\ Z_{sxhxy}'R^{-1}X & Z_{sxhxy}'R^{-1}Z_a & Z_{sxhxy}'R^{-1}Z_p & Z_{sxhxy}'R^{-1}Z_{sxhxy} + T^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \sim \\ \hat{a} \\ \sim \\ \hat{p} \\ \sim \\ \hat{t} \\ \sim \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_a'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_p'R^{-1}y \\ \sim \\ Z_{sxhxy}'R^{-1}y \\ \sim \end{bmatrix}.$$

A importância da inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano no modelo de avaliação genética dos animais, foi verificada utilizando-se o teste da razão de verossimilhança de modelos seqüencialmente reduzidos (RAO, 1973). A estimativa da estatística do teste da razão de verossimilhança (LR) foi comparado com o valor obtido por meio da distribuição de qui-quadrado (X_{tab}^2), com 1 grau de liberdade e nível de significância fixo de 1%.

Os valores genéticos preditos dos reprodutores para a produção de leite e gordura foram organizados em arquivos, com a finalidade de se verificar possíveis alterações na magnitude das predições dos valores genéticos e no ordenamento dos reprodutores baseado em tais predições, quando a interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano foi incluída no modelo, por meio das correlações de Pearson e Spearman, utilizando o pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 1990).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias observadas, os desvios-padrão e os coeficientes de variação para produção de leite e gordura do leite, ajustadas a duas ordenhas diárias, aos 305 dias de lactação e a idade adulta da vaca (72 e 69 meses de idade, para produção de leite e gordura, respectivamente), referentes a 8.566 lactações encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1 - Médias \pm desvios-padrão (DP) e coeficientes de variação (CV) para produção de leite e gordura do leite, ajustada a 305 dias de lactação, a duas ordenhas diárias e à idade adulta

Características	Médias \pm DP(kg)	CV(%)
Produção de leite	5.959,86 \pm 1.733,21	29,08
Produção de gordura	223,23 \pm 64,72	28,99

Os componentes de (co)variâncias estimados pelos modelos sem e com interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano, são apresentados na Tabela 2. As estimativas de componentes de variância genética aditiva e residual para produção de leite apresentaram variações inferiores a 1% com a inclusão do efeito de interação no modelo, aumentando em 0,99% e 0,10% quando o efeito da interação reprodutor x rebanho foi considerado, e reduzindo em 0,43% e 0,96%, com o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, respectivamente. Para a característica, produção de gordura, houve redução em 2,74% e aumento em 0,66%, com a inclusão do efeito de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, respectivamente, no componente de variância genética aditiva, e reduções inferiores a 1%, nas estimativas de componentes de variâncias residuais. Portanto, praticamente não houve alterações dos componentes de covariância genética aditiva e residual quando o modelo foi ajustado para os efeitos de interação.

Tabela 2 - Componentes de variância e covariância genética aditiva, ambiente permanente, interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, quando consideradas no modelo, e residual para produção de leite e gordura, obtidos pelos modelos sem e com interação

Características	Modelo sem interação		Modelo com interação reprodutor x rebanho		Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano	
	PL ¹	PG ²	PL ¹	PG ²	PL ¹	PG ²
Componentes de (co)variância genética aditiva						
PL ¹	585.794,19003	21.442,47512	591.606,84465	21.295,34486	583.242,94189	21.457,17971
PG ²		882,15910		857,94070		888,06763
Componentes de variância de ambiente permanente						
PL ¹	33.101,57377	0,00000	27.781,66645	0,00000	36.311,89839	0,00000
PG ²		7,07542		0,00015		0,00035
Componentes de variância da interação						
PL ¹			0,09481	0,00000	7.601,37983	0,00000
PG ²				25,79979		16,64011
Componentes de (co)variância residual						
PL ¹	857.098,69944	29.888,25413	857.997,28997	29.869,08417	848.837,34154	29.861,460
PG ²		1.311,89126		1.307,95823		1.299,16738

¹PL=Produção de leite, em kg; ²PG=Produção de gordura, em kg.

O componente de variância de ambiente permanente reduziu em 16,07%, para a característica produção de leite, com a inclusão no modelo do efeito da interação reprodutor x rebanho, e aumentou em 9,7%, no modelo que considerava a interação reprodutor x rebanho-ano. Para produção de gordura, as estimativas foram próximas a zero, quando considerados nos modelos os efeitos de interação.

Reduções nas estimativas de componentes de variâncias, quando considerado nas análises o efeito da interação reprodutor x rebanho foram observadas por TONG et al. (1977), MEYER (1987) e BANOS e SHOOK (1990).

GERALDINI (2002), estudando o efeito da interação reprodutor x rebanho sobre estimativas de componentes de variância e sobre a avaliação genética de reprodutores da raça Pardo-Suíça, ao incluir o termo de interação reprodutor x rebanho no modelo estatístico, verificou reduções nas estimativas de componentes de variância referentes ao efeito genético aditivo, de aproximadamente, 1% e 4% para produção de leite e gordura, respectivamente, e de 1% na estimativa do componente de covariância entre as características. A variância do efeito permanente de meio reduziu em 24,36%, para a característica produção de leite e foi quase nula, para ambos modelos, com e sem interação, para produção de gordura. Os componentes de (co)variâncias residuais praticamente não alteraram, sendo as reduções inferiores a 0,1%, para ambas as características.

As estimativas dos componentes de variância, referentes aos efeitos de interação foram relativamente baixas. Algum viés poderia ser encontrado nestas estimativas, pois parte do parentesco entre os reprodutores não foi considerado, subestimando os componentes de variância. No entanto, segundo VAN TASSELL e BERGER (1994), essa subestimação deve ser relativamente pequena, uma vez que há pouca perda de informação ao desconsiderar o parentesco entre os reprodutores quando o nível do efeito da interação é relativamente baixo.

Como consequência da pequena diferença nas estimativas dos componentes de (co)variância genética aditiva e residual entre os modelos, as estimativas de herdabilidade, correlações genéticas e proporções da variância total em razão das variâncias dos efeitos de ambiente permanente, interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, quando consideradas no modelo, e residuais (Tabela 3) foram próximas entre si. Para ambas as características, produção de leite e gordura, as estimativas de herdabilidade não variaram entre os modelos.

Estimativas de herdabilidades deste estudo foram similares às obtidas por GERALDINI (2002) e maiores que as encontradas por TONG et al. (1977), MEYER (1987) e BANOS e SHOOK (1990).

As proporções da variância total, referentes às variâncias dos efeitos de ambiente permanente e residual, praticamente não diferiram entre os modelos sem e com interação. Quanto ao componente de variância do efeito de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, a proporção da variância total foi de pequena magnitude, sendo próxima de zero para produção de leite e em torno de 1% para produção de gordura. Esses resultados foram inferiores aos encontrados por LEE (1976), TONG et al. (1977), MEYER (1987) e BANOS e SHOOK (1990), em que os componentes de variância de interação representaram de 2 a 4% da variância total.

Segundo KELLETER et al. (1967), sempre que o componente de variância for diferente de zero, os efeitos de interação causarão erros, mas a magnitude deste erro se torna importante na avaliação de reprodutores quando o componente de variância de interação for responsável por mais de 10% da variância total. Assim, outros fatores (genéticos, de meio e de erro) influenciam mais significativamente a acurácia de seleção que os efeitos de interação. Aumento no número de filhas de touros de inseminação artificial também tenderá a reduzir a influência de interação junto com os erros causados por outros fatores.

A inclusão da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano nos modelos não provocaram consideráveis alterações nas

Tabela 3 - Estimativas de herdabilidades (h^2), correlações genéticas (r_g) e proporções da variância total devido à variância do efeito permanente de meio (C^1), ao efeito da interação reprodutor x rebanho (C^2), ao efeito da interação reprodutor x rebanho-ano (C^3) e ao efeito residual (e), para produção de leite e gordura do leite

Características		Modelo com interação					
		Modelo sem interação		reprodutor x rebanho		reprodutor x rebanho-ano	
		PL ¹	PG ²	PL ¹	PG ²	PL ¹	PG ²
h^2 e r_g	PL ¹	0,40	0,94	0,40	0,95	0,40	0,94
	PG ²		0,40		0,39		0,40
C^1	PL ¹	0,022	0,000	0,019	0,000	0,025	0,000
	PG ²		0,003		0,000		0,000
C^2	PL ¹			0,000	0,000		
	PG ²				0,012		
C^3	PL ¹					0,005	0,000
	PG ²						0,008
e	PL ¹	0,58	0,89	0,58	0,89	0,58	0,90
	PG ²		0,60		0,60		0,59

¹PL=Produção de leite, em kg; ²PG= Produção de gordura, em kg.

estimativas de componentes de variância, contudo esses efeitos, quando considerados nas análises, provocaram aumentos significativos ($P < 0,01$) no logaritmo natural da função de verossimilhança, conforme indicado pelo teste da razão de verossimilhança, para modelos seqüencialmente reduzidos (Tabela 4), indicando superioridade do modelo, quando se incluiu o efeito de interação. MEYER (1987) também verificou que os valores do logaritmo da função de verossimilhança em modelos que apresentavam interações reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano-estação de parto foram significativamente maiores que para o modelo que desconsiderou essas interações.

Tabela 4 - Valores do logaritmo natural das funções de verossimilhança para modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, e teste de verossimilhança para modelo seqüencialmente reduzido (LR)

	Modelo		
	sem interação	com interação reprod x rebanho	com interação reprod x reb-ano
Log _e L	-88.573,1126445	-88.554,368886	-88.560,8803985
LR	37,487517 ($P < 0,01$) ¹	24,464492 ($P < 0,01$) ²	

¹LR para modelo sem e com interação reprodutor x rebanho

²LR para modelo sem e com interação reprodutor x rebanho-ano

As médias dos valores genéticos preditos para os reprodutores, os desvios-padrão, valores mínimos e máximos e amplitudes obtidas para as características produção de leite e de gordura do leite, obtidas pelos modelos sem e com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano estão na Tabela 5. A amplitude entre os valores genéticos preditos dos reprodutores praticamente não alterou quando os efeitos de interação foram incluídos no modelo, para as duas características estudadas.

Tabela 5 - Médias dos valores genéticos preditos para os reprodutores, desvios-padrão, valores mínimos e máximos e amplitudes obtidas para as características, produção de leite e gordura do leite, utilizando-se os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano

	Características	
	Produção de Leite	Produção de Gordura
Sem interação		
Média (kg)	55,80944	1,66185
Desvio-padrão(kg)	460,82903	17,52390
Mínimo (kg)	-1271	-52,034
Máximo (kg)	1155	44,036
Amplitude (kg)	2426	96,07
Com interação reprod x rebanho		
Média (kg)	57,28720	1,76423
Desvio-padrão(kg)	462,37419	17,13609
Mínimo (kg)	-1276	-50,263
Máximo (kg)	1171	43,209
Amplitude (kg)	2447	93,472
Com interação reprod x reb-ano		
Média (kg)	55,49882	1,65511
Desvio-padrão(kg)	459,23105	17,52624
Mínimo (kg)	-1267	-52,309
Máximo (kg)	1148	43,669
Amplitude (kg)	2415	95,978

Os altos valores, acima de 0,99, para as correlações de Pearson e Spearman (Tabela 6 e 7) entre os valores genéticos preditos dos reprodutores, para produção de leite e gordura, indicam que o ordenamento dos reprodutores não foram alterados com a inclusão dos efeitos de interação nos modelos em análise. Correlações de Pearson e Spearman entre as características produção de leite e de gordura, com e sem interação, foram todas acima de 0,897, indicando que quando os valores genéticos preditos forem baseados na produção de leite, os reprodutores seriam classificados de forma similar para as duas características.

CARABAÑO et al. (1990), ao estudarem o desempenho de vacas da raça holandesa, filhas de um mesmo reprodutor, em diferentes regiões dos Estados Unidos, estimaram coeficientes de correlações genéticas superiores a 0,90. MOHAMMAD et al. (1982) obtiveram altas correlações de Pearson e Spearman, acima de 0,99, entre os valores genéticos preditos de modelos incluindo e ignorando o efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x peso ideal da novilha, e concluíram que ignorar o efeito da interação não causaria maiores alterações na classificação dos reprodutores. RORATO et al. (1994), ao estimarem correlações genéticas entre os valores genéticos para um mesmo touro em diferentes regiões do estado do Paraná, concluíram que as filhas de um mesmo touro apresentavam comportamento diferenciado nos distintos ambientes, caracterizando a interação genótipo x ambiente.

Tabela 6 - Correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos dos reprodutores para produção de leite e gordura, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano

	LCIRR ²	LCIRRA ³	GSI ⁴	GCIRR ⁵	GCIRRA ⁶
LSI ¹	0,99978	0,99995	0,93076	0,94434	0,93023
LCIRR ²		0,99957	0,92494	0,93976	0,92442
LCIRRA ³			0,93296	0,94604	0,93240
GSI ⁴				0,99718	0,99992
GCIRR ⁵					0,99751

¹LSI= produção de leite utilizando o modelo sem interação; ²LCIRR= produção de leite utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho; ³LCIRRA= produção de leite utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho-ano; ⁴GSI= produção de gordura utilizando o modelo sem interação; ⁵GCIRR= produção de gordura utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho; ⁶GCIRRA= produção de gordura utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho-ano;

Tabela 7 - Correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos dos reprodutores para produção de leite e gordura, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano

	LCIRR ²	LCIRRA ³	VGSI ⁴	GCIRR ⁵	GCIRRA ⁶
LSI ¹	0,99955	0,99986	0,90419	0,92349	0,90371
LCIRR ²		0,99933	0,89781	0,91820	0,89734
LCIRRA ³			0,90625	0,92509	0,90570
GSI ⁴				0,99525	0,99972
GCIRR ⁵					0,99570

¹LSI= produção de leite utilizando o modelo sem interação; ²LCIRR= produção de leite utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho; ³LCIRRA= produção de leite utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho-ano; ⁴GSI= produção de gordura utilizando o modelo sem interação; ⁵GCIRR= produção de gordura utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho; ⁶GCIRRA= produção de gordura utilizando o modelo com interação reprodutor x rebanho-ano;

CONCLUSÕES

A inclusão dos efeitos de interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano nos modelos de avaliação genética pouco alteraram as estimativas de componentes de (co)variâncias genética aditiva e residuais, e conseqüentemente, as herdabilidades. Os coeficientes de correlações de Pearson e Spearman obtidos foram altos, indicando que os reprodutores foram classificados de forma semelhante pelos seus valores genéticos preditos nos três modelos utilizados. Assim, com base nos resultados deste estudo, o efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano podem ser desconsiderados na avaliação genética da raça Pardo-Suíça, para as características produção de leite e de gordura do leite.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BANOS, G., SHOOK, G. E. Genotype by environment interaction and genetic correlations among parities for somatic cell count and milk yield. *Journal of Dairy Science*, v.73, n. 9, p.2563-2573, 1990.
- BASU, S. B., CHATTARAJI, J. Genotype-environment interaction in the evaluation of sires of crossbred cows. *Indian Journal of Animal Science*, v.58, n.7, p.808-811, 1988.
- BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., VAN VLECK, L. D., VAN TASSELL, C. P., KACHMAN, S. D. *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. 125 p.
- CARABAÑO, M. J., WADE, K. M., VAN VLECK, L. D. Genotype by environment interactions for milk and fat production across regions of United States. *Journal of Dairy Science*, v.73, n. 1, p.173-180, 1990.
- COSTA, C. N. Interação genótipo x ambiente em gado de leite. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1, 1999, Viçosa. *Anais ...Viçosa: UFV*, 1999. p.161-191.
- DIMOV, G., ALBUQUERQUE, L. G., KEOWN, J. F., VAN VLECK, L. D., NORMAN, H. D. Variance of interaction effects of sire and herd for yield traits of Holsteins in California, New York, and Pennsylvania with an animal model. *Journal of Dairy Science*, v.78, n.4, p. 939-946, 1995.
- GERALDINI, M. L. F. *Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção e gordura do leite da raça Pardo-Suíça*. Viçosa, MG: UFV, 2002. 68 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- HENDERSON, C. R. *Application of linear models in animal breeding*. University of Guelph, 1984. 462 p.
- KELLEHER, D. J., FREEMAN, A. E., LUSH, J. L. Importance of bull x herd-year-season interaction in milk production. *Journal of Dairy Science*, v.50, n.10, p. 1703-1707, 1967.
- LEE, A. J. Relation between milk yield and age at first calving in first lactation. *Journal of Dairy Science*, v.59, n. 10 p. 1794-1801, 1976.

- MEYER, K. Estimates of variance due to sire x herd interactions and environmental covariances between paternal half-sibs for first lactation dairy production. *Livestock Production Animal Science*, v.17, n. 1, p.95-115, 1987.
- MOHAMMAD, W. A., LEE, A. J., GROSSMAN, M. Genotype-environment interaction in sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, v.65, n.5, p. 857-860, 1982.
- NORMAN, H. D. Factors that should be considered in a national sire summary model. *Journal of Dairy Science*, v.57, n.7, p. 955-962, 1974.
- RAO, C. R. *Linear statistical inference and its applications*. 2. ed., New York: John Wiley e Sons, 1973. 552 p.
- RENNÓ, F. P. *Aspectos produtivos da raça Pardo-Suiça no Brasil*. Viçosa, MG: UFV, 2001. 100 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- RORATO, P. R. N., LÔBO, R. B., MARTINS FILHO, R., RIBAS, N. P. Efeito da interação genótipo-ambiente sobre a produção de leite da raça Holandesa, no estado do Paraná. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, v.23, n.5, p. 859-869, 1994.
- SEARLE, S. R. *Matrix algebra for biological science*. New York: Jhon Wiley and Sons, 1966. 296 p.
- STANTON, T. L., BLAKE, R. W., QUAAS, R. L., VAN VLECK, L. D., CARABAÑO, M. J. Genotype by enviroment interaction for Holstein milk yield in Colombia, México and Porto Rico. *Journal of Dairy Science*, v.74, n.5, p.1700-1714, 1991.
- STATISTICAL ANALISYS SYSTEM INSTITUTE. *SAS User's Guide: Statistics version 6, fourth edition*. Cary: SAS Intitute Inc., 1990. 1686 p.
- TEIXEIRA, N. M., FREITAS, A. F., VALENTE, J. Correlação de meio-ambiente entre meio-irmãs paternas para a produção de leite na raça Holandesa. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, v.21, n.3, p.501-509, 1992.
- TONG, A K. W., KENNEDY, B. W., MOXLEY, J. E. Sire by herd interactions for milk yield and composition traits. *Canadian Journal of Animal Science*, v.57, n.3, p. 383-388, 1977.

VAN TASSELL, C. P, BERGER, P. J Consideration of sire relationships for estimation of variance components with interaction of herd and sire. *Journal of Dairy Science*, v.77,n.1, p.313-324,1994.

VINSON, W. E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. *Journal of Dairy Science*, v.70, n.9, p.2450-2455, 1987.

CAPÍTULO II

EFEITO DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA PARDO-SUIÇA NO BRASIL

RESUMO

Registros de produção e gordura do leite foram utilizados com o objetivo de verificar a efetividade da inclusão das interações reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, como fator de ajustamento da heterogeneidade de variância e sua influência na avaliação genética de reprodutores da raça Pardo-Suíça. Com base no desvio-padrão fenotípico dos rebanhos para produção de leite, ajustada a duas ordenhas diárias, a 305 dias de lactação e a idade adulta da vaca, os dados foram estratificados em duas classes: baixo (≤ 1.280) e alto (> 1.280) desvio-padrão fenotípico. Três modelos foram utilizados, sem e com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, na estimação dos componentes de variâncias e valores genéticos dos reprodutores, para produção de leite e gordura, em análises de característica única geral, em análises de características únicas, em cada classe de desvio-padrão e em análises de características múltiplas, em que a característica em cada classe de desvio-padrão fenotípico foi considerada como característica distinta. O teste da razão de verossimilhança foi utilizado na verificação da efetividade da inclusão dos efeitos de interação no modelo. Médias e componentes de variâncias foram maiores na classe de alto desvio-padrão, caracterizando a heterogeneidade de variâncias. Com a inclusão dos efeitos de interação no modelo, os componentes de variância genética aditiva e residual reduziram ou praticamente não variaram. Nas análises de características múltiplas, em geral, os componentes de variância genética foram maiores que os obtidos em análises de características única, resultando em estimativas de herdabilidades maiores (0,34 a 0,39). Correlações genéticas entre as duas classes de desvio-padrão, foram iguais à

unidade, em todas as análises. Correlações entre os valores genéticos praticamente não alteraram quando os efeitos de interação foram considerados nas análises. O logaritmo natural da função de verossimilhança aumentou ($P < 0,01$), para produção de gordura, em análises múltiplas quando se incluiu a interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano no modelo. Correlações de Pearson e Spearman entre as classes de desvio-padrão fenotípico, obtidas em análises geral e em análises de características múltiplas, para produção de leite e gordura, utilizando modelos sem e com interação, foram iguais a 1,0. Assim, a heterogeneidade de variâncias poderia ser desconsiderada na avaliação genética da raça Pardo-Suíça.

CHAPTER II

EFFECT OF THE VARIANCES HETEROGENEITY IN THE GENETIC EVALUATION OF BROWN SWISS ANIMALS IN BRAZIL

ABSTRACT

Registers of milk and fat production were used in order to verify the effectiveness of including the interactions of sire x herd and the sire x herd-year as a adjust factor of the variance heterogeneity and its influence on the genetic evaluation of the Brown Swiss sires. Based on the phenotypic deviation-standard of the herds for milk production, adjusted to two daily milkings, 305 days of lactation and the cow's adult age, the data were stratified into two classes: low (≤ 1.280) and high (> 1.280) phenotypic standard deviation. To estimate the variance components and the genetic values of the sires for milk and fat production three models, without and with interaction of sire x herd and the sire x herd-year, were used in the general univariate analyses, in the univariate analyses, in each standard deviation class, and in multitrait analyses, where the characteristic in each class of the phenotypic standard deviation was considered as a distinct characteristic. The likelihood ratio test was used in verifying how effective was the inclusion of the interaction effects into the model. The averages and variance components were higher in the high standard deviation class, so characterizing the variance heterogeneity. When including the interaction effects into model, the components of the genetic additive and residual variance were reduced or practically were not affected. In general, in the multitrait analyses, the components of genetic variance were higher than those obtained in the univariate analyses, therefore resulting into higher heritability estimates (0,34 to 0,39). The genetic correlations between those two standard deviation classes equaled the unit in all analyses. When considering the interaction effects, the correlation among the genetic values practically were not altered. When the

interactions of sire x herd and the sire x herd-year were included into model, the natural logarithm of the likelihood function increased ($P < 0,01$) for fat production in the multitrait analyses. Pearson and Spearman correlations among the classes of the phenotypic standard deviation, obtained from either general analyses and multitrait analyses for milk and fat productions, by using the models without and with interaction, were equaled the unity. Therefore, the variances heterogeneity might be disregarded without causing any errors in the genetic evaluation of Brown Swiss.

INTRODUÇÃO

Geralmente, num sistema de avaliação genética, assume-se homogeneidade das variâncias genética e residual para todos os ambientes. Esta pressuposição pode não ser verdadeira quando as condições ambientais forem heterogêneas ou quando os desempenhos são obtidos durante um longo período de tempo.

As avaliações genéticas em gado de leite são comumente realizadas a nível nacional. Por esta razão, os rebanhos chegam a diferir muito em relação à média de produção e à variância fenotípica. Sob essas condições, até mesmo os procedimentos de avaliação genética que fornecem soluções com propriedades de melhor predição linear não-viesada (BLUP), estão sujeitos a erros, podendo comprometer o progresso genético esperado pela seleção, quando realizada entre rebanhos.

Dentre as fontes de variância heterogênea, provavelmente a mais importante seja o aumento da variância fenotípica com a melhoria do nível de produção como um efeito de escala.

Variâncias heterogêneas entre rebanhos e aumento da variância, de acordo com o aumento dos níveis de produções dos rebanhos, têm sido verificados por vários autores, como DE VEER e VAN VLECK (1987), BOLDMAN e FREEMAN (1990), DONG e MAO (1990), TORRES (1998) e ARAÚJO (2000).

Assim, 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 maior parte dos animais, e a avaliação genética do animal poderia ser mais em função do ambiente do que do seu potencial genético (TORRES, 1998). A explicação para tal fato tem sido considerar que melhores condições de manejo possibilitariam melhor expressão do verdadeiro potencial genético dos animais (VINSON, 1987).

Um procedimento utilizado para solucionar o problema de variâncias heterogêneas, seria o agrupamento dos dados em classes, com base em algum

critério específico, comumente a média de produção ou o desvio-padrão fenotípico dos rebanhos, com posterior análise, como características múltiplas, dos grupos formados (HENDERSON, 1984; GIANOLA, 1986).

Segundo FAMULA (1989), a estratificação é o método mais comum para detectar a variância entre rebanhos, mas não elimina a possibilidade de erro, pois é um processo análogo à seleção.

GARRICK e VAN VLECK (1987) relatam que técnicas de agrupar rebanhos podem ser usadas amplamente, pois vale a pena investigar a redução na eficiência da seleção realizada, desconsiderando-se a heterogeneidade de variâncias.

O efeito da heterogeneidade na avaliação genética deveria ser melhor determinada, pela observação das diferenças na classificação dos animais e na magnitude dos valores genéticos dos reprodutores, nos diferentes níveis de produção (DONG e MAO, 1990).

MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993) não encontraram substanciais reduções no ganho genético quando o efeito da heterogeneidade de variâncias foi ignorado.

DE VEER e VAN VLECK (1987) ao estratificarem rebanhos da raça holandesa de acordo com o nível de produção de leite, verificaram que componentes de variância de reprodutor e residual aumentaram com o aumento da média de produção, ambos dentro e entre anos. Correlações entre efeitos de reprodutor nos diferentes níveis de produção foram todos acima de 0,85. Estimativas de herdabilidade aumentaram quando os níveis de produção aumentaram. Estes resultados indicam que pode ser necessário considerar a heterogeneidade de variâncias genética e residual na avaliação de reprodutores.

O objetivo deste trabalho foi verificar a importância da heterogeneidade de variâncias entre rebanhos e a efetividade da inclusão da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano no modelo de análise, como fator de ajustamento para a mesma, na avaliação genética de reprodutores da raça Pardo-Suíça no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

O conjunto inicial de dados possuía 12.066 registros de lactações de 5.798 vacas distribuídas em 269 rebanhos, com parições nos anos de 1980 a 2002. Essas informações são provenientes do Controle Leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Gado Pardo-Suíço (ABCGPS), e fornecidos pelo convênio mantido entre o Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa e a ABCGPS.

Os dados foram editados para eliminação de registros de produção e ascendência incompletas, lactações encerradas por causas anormais de secagem, lactações inferiores a 150 e superiores a 450 dias, registros de produção de leite inferiores a 1.000 kg ou superiores a 15.000 kg, e ainda idade da vaca no parto menores que 18 e maiores que 197 meses, sendo somente os registros das quatro primeiras lactações considerados.

Quatro estações de parto foram definidas: estação 1 corresponde aos meses de janeiro a março, estação 2, abril a junho, estação 3, julho a setembro e estação 4, outubro a dezembro.

Com referência a informação de ascendência e origem dos animais, as vacas foram classificadas em três grupos genéticos: Grupo 1, formado por vacas Pardo-Suíças puras de origem (PO), Grupo 2, vacas Pardo-Suíças puras por cruzamento (PC) e Grupo 3, vacas Pardo-Suíças puras de origem importada (POI) (animais nascidos fora do Brasil e importados). Posteriormente, os efeitos fixos de ano e rebanho foram agrupados em classes.

Os registros de produção foram previamente ajustados para número de ordenhas (duas ordenhas – 2x), duração da lactação (305 dias) e para a produção na idade adulta da vaca (72 e 69 meses, para produção de leite e gordura, respectivamente) utilizando fatores estimados por RENNÓ (2001).

Com o intuito de investigar a heterogeneidade de variâncias, utilizou-se o desvio-padrão fenotípico dos rebanhos para produção de leite ajustada a duas ordenhas diárias, a 305 dias de lactação e a idade adulta da vaca, como critério para estratificar os dados em duas classes, com número aproximado de

observações nas duas classes. A classe de baixo desvio-padrão fenotípico corresponde aos dados cujo desvio-padrão de rebanho foram menores ou iguais a 1.280 kg, e a de alto desvio-padrão fenotípico, maiores que 1.280 kg. Depois de formadas as classes, impôs-se a restrição de que cada classe de rebanho-ano de parto deveria apresentar, no mínimo quatro observações, e que cada reprodutor deveria ter, no mínimo quatro filhas, estar presente nas duas classes de desvio-padrão, e possuir filhas em dois diferentes rebanhos dentro de cada classe, resultando em 7.046 lactações de 3.569 vacas, filhas de 70 reprodutores.

A matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM), utilizada em todas as análises foi obtida de 8.682 animais diferentes, 17 dos quais eram endogâmicos, o que levou a um coeficiente de endogamia médio de 0,14.

As análises foram conduzidas utilizando-se três modelos que diferiam em relação a: 1) ausência do termo da interação, 2) inclusão da interação reprodutor x rebanho, e 3) modelo com a interação reprodutor x rebanho-ano. Foram realizadas análises de característica única com os dados de produção de leite e gordura do leite, ajustada a duas ordenhas diárias, a 305 dias de lactação e a idade adulta da vaca, dentro de cada classe e em análise geral, desconsiderando a formação das classes de desvio-padrão fenotípico. Os modelos foram empregados também nas análises de características múltiplas, que consideraram cada característica de produção, em cada classe de desvio-padrão fenotípico, como características diferentes.

Em notação matricial, o modelo para as análises de característica única, utilizado na estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos dos animais, que considera o termo da interação reprodutor x rebanho-ano, é:

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{\beta} + Z_a \underset{\sim}{a} + Z_p \underset{\sim}{p} + Z_{sxhxy} \underset{\sim}{t} + \underset{\sim}{e}, \quad [1]$$

em que: $\underset{\sim}{y}$ é um vetor $n \times 1$, de n observações da característica produção de leite ou gordura; X é uma matriz $n \times f$, de incidência de níveis dos efeitos

fixos; β é um vetor $f \times 1$, de efeitos fixos referentes às classes de rebanho-ano de parto, estação de parto e grupo genético dos animais; Z_a é uma matriz $n \times N$, de incidência dos valores genéticos; a é um vetor $N \times 1$, de valores genéticos dos animais; Z_p é uma matriz $n \times N$, de incidência dos efeitos de ambiente permanente sobre os animais; p é um vetor $N \times 1$, de valores referentes ao efeito de ambiente permanente dos animais; Z_{sxhxy} é uma matriz de dimensão $n \times v$, de incidência dos efeitos da interação reprodutor x rebanho-ano; t é um vetor $v \times 1$, de valores referentes ao efeito da interação reprodutor x rebanho-ano; e e é um vetor de resíduos da mesma dimensão de y ; sendo: N = número de indivíduos; n = número total de observações; f = número de classes de efeitos fixos; e v = número de níveis da interação reprodutor x rebanho-ano.

As pressuposições acerca da distribuição dos vetores y , a , p , t e e podem ser descritas como:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ t \\ e \end{bmatrix} \sim \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G Z_a' + Z_p P Z_p' + Z_{sxhxy} T Z_{sxhxy}' + R & Z_a G & Z_p P & Z_{sxhxy} T & R \\ & G & \phi & \phi & \phi \\ & \phi & P & \phi & \phi \\ & \phi & \phi & T & \phi \\ & \phi & \phi & \phi & R \end{bmatrix}$$

em que : $G = A\sigma_a^2$; $P = I_N\sigma_p^2$; $T = I_v\sigma_{sxhxy}^2$; e $R = I_n\sigma_e^2$; onde: A = matriz de numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número total de indivíduos (N); σ_a^2 = variância genética aditiva da característica produção de leite ou gordura; I_N = matriz identidade, de ordem N ; σ_p^2 = variância referente ao efeito de ambiente permanente da característica produção de leite ou gordura; I_v = matriz identidade, de ordem v ; $\sigma_{sxhxy}^2 =$

variância referente à interação reprodutor x rebanho-ano, da característica produção de leite ou gordura; I_n = matriz identidade, de ordem n; e σ_e^2 = variância residual da característica produção de leite ou gordura.

As equações do modelo misto (1) são descritas como:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_a & X'Z_p & X'Z_{sxlxy} \\ Z_a'X & Z_a'Z_a + A^{-1}\frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} & Z_a'Z_p & Z_a'Z_{sxlxy} \\ Z_p'X & Z_p'Z_a & Z_p'Z_p + I\frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} & Z_p'Z_{sxlxy} \\ Z_{sxlxy}'X & Z_{sxlxy}'Z_a & Z_{sxlxy}'Z_p & Z_{sxlxy}'Z_{sxlxy} + I\frac{\sigma_e^2}{\sigma_{sxlxy}^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{a} \\ \hat{p} \\ \hat{t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z_a'y \\ Z_p'y \\ Z_{sxlxy}'y \end{bmatrix}$$

O modelo para as análises que consideram produção de leite e gordura em cada classe de desvio-padrão fenotípico como características diferentes, e que também objetivam a obtenção de componentes de variâncias e a predição dos valores genéticos dos animais é semelhante ao 1, levando-se em conta, no entanto, uma distribuição multivariada, da seguinte forma:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \sim \end{bmatrix}, \quad X = \begin{bmatrix} X_1 & \phi \\ \phi & X_2 \end{bmatrix}, \quad \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \sim \end{bmatrix}$$

$$Z_a = \begin{bmatrix} Z_{a1} & \phi \\ \phi & Z_{a2} \end{bmatrix}, \quad Z_p = \begin{bmatrix} Z_{p1} & \phi \\ \phi & Z_{p2} \end{bmatrix}, \quad Z_{sxl} = \begin{bmatrix} Z_{(sxlxy)1} & \phi \\ \phi & Z_{(sxlxy)2} \end{bmatrix}$$

$$a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \sim \end{bmatrix}, \quad p = \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \sim \end{bmatrix}, \quad t = \begin{bmatrix} t_1 \\ t_2 \\ \sim \end{bmatrix}, \quad e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \sim \end{bmatrix}$$

em que: y_1 = característica i na classe de desvio-padrão fenotípico baixo; e

y_2 = característica i na classe de desvio-padrão fenotípico alto.

Definindo-se o modelo como:

$$\underset{\sim}{y}_i = \underset{\sim}{X}_i \underset{\sim}{\beta}_i + \underset{\sim}{Z}_{ai} \underset{\sim}{a}_i + \underset{\sim}{Z}_{pi} \underset{\sim}{p}_i + \underset{\sim}{Z}_{(sxhxy)i} \underset{\sim}{t}_i + \underset{\sim}{e}_i, \quad [2]$$

tem-se: $\underset{\sim}{y}_i$ = vetor $n_i \times 1$, de n_i observações da característica produção de leite ou gordura, na classe de desvio-padrão i , i = baixo, alto; $\underset{\sim}{X}_i$ = matriz $n_i \times f_i$, de incidência de níveis dos efeitos fixos na classe de desvio-padrão i ; $\underset{\sim}{\beta}_i$ = vetor $f_i \times 1$, de efeitos fixos da classe de desvio-padrão i ; $\underset{\sim}{Z}_{ai}$ = matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos valores genéticos, contendo “1” na diagonal para a classe de desvio-padrão i ; $\underset{\sim}{a}_i$ = vetor $N_i \times 1$, de valores genéticos dos animais da classe de desvio-padrão i ; $\underset{\sim}{Z}_{pi}$ = matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos efeitos de ambiente permanente dos animais, na classe de desvio-padrão i ; $\underset{\sim}{p}_i$ = vetor $N_i \times 1$, de valores referentes ao efeito de ambiente permanente dos animais da classe de desvio-padrão i ; $\underset{\sim}{Z}_{(sxhxy)i}$ = matriz de dimensão $n_i \times v_i$, de incidência dos efeitos da interação reprodutor x rebanho-ano, composta de zeros e uns; $\underset{\sim}{t}_i$ = vetor $v_i \times 1$, de valores referentes ao efeito da interação reprodutor x rebanho-ano; e $\underset{\sim}{e}_i$ = vetor de resíduos da mesma dimensão de $\underset{\sim}{y}_i$.

Admitindo-se que $\underset{\sim}{y}$, $\underset{\sim}{a}$, $\underset{\sim}{p}$, $\underset{\sim}{t}$ e $\underset{\sim}{e}$ tenham distribuição normal multivariada,

$$\begin{bmatrix} \underset{\sim}{y} \\ \underset{\sim}{a} \\ \underset{\sim}{p} \\ \underset{\sim}{t} \\ \underset{\sim}{e} \end{bmatrix} \sim \begin{bmatrix} \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \left[\begin{array}{cccc} \underset{\sim}{Z}_a \underset{\sim}{G} \underset{\sim}{Z}_a + \underset{\sim}{Z}_p \underset{\sim}{P} \underset{\sim}{Z}_p + \underset{\sim}{Z}_{sxhxy} \underset{\sim}{S} \underset{\sim}{Z}_{sxhxy} + R & \underset{\sim}{Z}_a \underset{\sim}{G} & \underset{\sim}{Z}_p \underset{\sim}{P} & \underset{\sim}{Z}_{sxhxy} \underset{\sim}{T} & R \\ & \underset{\sim}{G} & \phi & \phi & \phi \\ & \underset{\sim}{P} \underset{\sim}{Z}_p & \phi & \phi & \phi \\ & \underset{\sim}{T} \underset{\sim}{Z}_{sxhxy} & \phi & \phi & \phi \\ & R & \phi & \phi & R \end{array} \right],$$

tem-se que: $G = A \otimes G_0$, $P = I_N \otimes P_0$, $T = I_v \otimes T_0$, e $R = I_n \otimes R_0$, sendo: A = matriz de numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de

ordem igual ao número total de indivíduos (N); G_0 = matriz 2 x 2, de variância e covariância genética aditiva entre as classes de desvio-padrão; e, \otimes operador produto direto (SEARLE, 1966).

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 \end{bmatrix},$$

em que: σ_{a11}^2 = variância genética aditiva da classe de desvio-padrão 1, e σ_{a12} , covariância genética aditiva entre as classes de desvio-padrão; I_N = matriz identidade de ordem N, e

$$P_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{p11}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{p22}^2 \end{bmatrix};$$

em que: σ_{p11}^2 = variância referente ao efeito de ambiente permanente da classe de desvio-padrão 1; I_v = matriz identidade, de ordem v, e

$$T_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{(shty)11}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{(shty)22}^2 \end{bmatrix};$$

em que: $\sigma_{(shty)ii}^2$ = variância referente a interação reprodutor x rebanho, da classe de desvio-padrão i; I_n = matriz identidade de ordem n, e

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

em que: σ_{eii}^2 = variância residual da classe de desvio-padrão i.

As equações do modelo misto (2) são descritas como:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_a & X'R^{-1}Z_p & X'R^{-1}Z_{shty} \\ Z_a'R^{-1}X & Z_a'R^{-1}Z_a + G^{-1} & Z_a'R^{-1}Z_p & Z_a'R^{-1}Z_{shty} \\ Z_p'R^{-1}X & Z_p'R^{-1}Z_a & Z_p'R^{-1}Z_p + P^{-1} & Z_p'R^{-1}Z_{shty} \\ Z_{shty}'R^{-1}X & Z_{shty}'R^{-1}Z_a & Z_{shty}'R^{-1}Z_p & Z_{shty}'R^{-1}Z_{shty} + T^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta}^0 \\ \hat{a} \\ \hat{p} \\ \hat{t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_a'R^{-1}y \\ Z_p'R^{-1}y \\ Z_{shty}'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

Nas análises que consideram o efeito da interação reprodutor x rebanho, os modelos são semelhantes aos descritos anteriormente, com a

inclusão da matriz $Z_{(sxh)_i}$ e do vetor s_i , em substituição ao componente da interação reprodutor x rebanho-ano, onde: $Z_{(sxh)_i}$ é uma matriz de incidência de dimensão $n_i \times h_i$, referente aos efeitos da interação reprodutor x rebanho, na classe de desvio-padrão i ; e s_i é um vetor de dimensão $h_i \times 1$, ou seja, igual ao número de níveis de interação reprodutor x rebanho na classe de desvio-padrão i . As análises sem inclusão do efeito de interação diferem destas apenas pela ausência dos componentes desses efeitos nos modelos.

Foram preditos os valores genéticos dos reprodutores para produção de leite e gordura, incluindo-se ou não no modelo os termos de interação nas análises que não consideraram as classes de desvio-padrão fenotípico e dentro de cada classe, bem como, nas análises de características múltiplas, em que produção de leite e gordura nas diferentes classes de desvio-padrão, foram consideradas como características distintas, a fim de verificar possíveis alterações na magnitude e no ordenamento das predições dos valores genéticos dos reprodutores, quando as interações reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano foram incluídas no modelo por meio da obtenção das correlações de Pearson e Spearman, obtidas utilizando o pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 1990).

A estimação de componentes de (co)variâncias e a predição dos valores genéticos foram feitas pelo uso do programa MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood), segundo BOLDMAN et al. (1995). Adotou-se como critério de convergência a variância dos valores da função $-2 \log \lambda$, do 'simplex', como sendo menor que 10^{-9} .

Para determinar a importância da inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano no modelo, utilizou-se o teste da razão de verossimilhança (LR) para modelos sequencialmente reduzidos (RAO, 1973). A estatística LR foi comparada com os valores da distribuição de qui-quadrado (χ^2 tabelado), com um grau de liberdade e nível de significância fixo em 1%.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análises de Característica Única

As médias observadas, os desvios-padrão, os coeficientes de variação e o número de lactações, para produção de leite e de gordura do leite, ajustada a duas ordenhas diárias, a 305 dias de lactação e à idade adulta da vaca, em cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análise geral, são apresentadas na Tabela 1. Os componentes de variância, para cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análise geral, estimados pelos modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano, podem ser observados nas Tabelas 2 e 3.

As médias da produção de leite e de gordura aumentaram da classe de baixo desvio-padrão fenotípico para a classe de alto desvio-padrão fenotípico confirmando a associação entre média e desvio-padrão dentro de rebanho.

Tabela 1 - Médias \pm desvios-padrão, coeficientes de variação (CV) e número de lactações para as características produção de leite e de gordura do leite, ajustada a 305 dias de lactação, a duas ordenhas diárias e à idade adulta, em cada classe de desvio-padrão e em análise geral

Classes de desvio-padrão	Média (kg)	Desvio-padrão (kg)	CV (%)	N° de lactações
Produção de leite				
Geral ¹	6.142,04	1.716,41	27,94	7.046
Alto	6.710,88	1.734,95	25,85	3.768
Baixo	5.488,16	1.440,02	26,24	3.278
Produção de gordura				
Geral ¹	229,34	64,41	28,09	7.046
Alto	249,12	66,19	26,58	3.768
Baixo	206,61	54,00	26,14	3.278

¹Inclui as classes de alto e baixo desvio-padrão fenotípico

Tabela 2 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), ambiente permanente ($\hat{\sigma}_{C^1}^2$), interação reprodutor x rebanho ($\hat{\sigma}_{C^2}^2$), interação reprodutor x rebanho-ano ($\hat{\sigma}_{C^3}^2$) e residual ($\hat{\sigma}_e^2$) para produção de leite, em análise geral e em cada classe de desvio-padrão

Componentes de variância	Baixo	Alto	Geral
Modelo sem interação			
$\hat{\sigma}_a^2$	346.433,33	636.274,82	508.197,09
$\hat{\sigma}_{C^1}^2$	23.292,99	53.617,53	39.519,28
$\hat{\sigma}_e^2$	643.556,25	1.049.361,34	859.472,02
Modelo com interação reprodutor x rebanho			
$\hat{\sigma}_a^2$	346.433,41	614.139,38	498.363,69
$\hat{\sigma}_{C^1}^2$	23.286,90	51.942,03	38.562,52
$\hat{\sigma}_{C^2}^2$	1,87	27.542,04	13.540,64
$\hat{\sigma}_e^2$	643.568,29	1.047.916,77	858.921,34
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano			
$\hat{\sigma}_a^2$	346.918,55	633.424,30	506.124,03
$\hat{\sigma}_{C^1}^2$	23.287,93	53.577,89	39.399,16
$\hat{\sigma}_{C^3}^2$	23.406,06	33.902,36	38.290,04
$\hat{\sigma}_e^2$	624.085,73	1.019.726,18	827.318,16

Os componentes de variância, para produção de leite e de gordura, referentes ao efeito genético aditivo, ao efeito de ambiente permanente, ao efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, quando considerados no modelo, e ao efeito residual, aumentaram da classe de baixo desvio-padrão fenotípico para a classe de alto desvio-padrão fenotípico. Aumento nas estimativas de componentes de variância genética e residual, à medida que o nível de produção dos rebanhos aumenta, foi também observado por HILL et al. (1983), LOFGREN et al. (1985), DE VEER e VAN VLECK (1987), BOLDMAN e FREEMAN (1990), DONG e MAO (1990), TORRES (1998) e ARAÚJO (2000).

Tabela 3 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), ambiente permanente ($\hat{\sigma}_{C^1}^2$), interação reprodutor x rebanho ($\hat{\sigma}_{C^2}^2$), interação reprodutor x rebanho-ano ($\hat{\sigma}_{C^3}^2$) e residual ($\hat{\sigma}_e^2$) para produção de gordura, em análise geral e em cada classe de desvio-padrão

Componentes de variância	Baixo	Alto	Geral
Modelo sem interação			
$\hat{\sigma}_a^2$	473,08	899,12	705,93
$\hat{\sigma}_{C^1}^2$	26,28	78,04	54,50
$\hat{\sigma}_e^2$	979,63	1.615,36	1.318,85
Modelo com interação reprodutor x rebanho			
$\hat{\sigma}_a^2$	472,46	822,11	655,84
$\hat{\sigma}_{C^1}^2$	26,26	71,55	49,61
$\hat{\sigma}_{C^2}^2$	0,84	97,62	67,89
$\hat{\sigma}_e^2$	979,66	1.611,13	1.316,45
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano			
$\hat{\sigma}_a^2$	470,85	894,75	699,84
$\hat{\sigma}_{C^1}^2$	26,42	77,83	53,99
$\hat{\sigma}_{C^3}^2$	32,45	37,05	56,53
$\hat{\sigma}_e^2$	953,70	1.584,51	1.273,63

As estimativas de componentes de variância pouco alteraram com a inclusão nos modelos dos efeitos de interação. Quando o modelo considerava o efeito da interação reprodutor x rebanho, ocorreram reduções de 3,5 e 8,6%, na variância genética aditiva, e de 3,1 e 8,3%, na variância de ambiente permanente, respectivamente, para produção de leite e gordura, na classe de alto desvio-padrão fenotípico. No modelo com interação reprodutor x rebanho-ano, os componentes de variância residual reduziram em 3,0 e 2,8% para produção de leite, e para produção de gordura em 2,6 e 1,9%, nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente.

Reduções nas estimativas de componentes de variância foram também observadas por ARAÚJO (2000) ao comparar modelos com e sem efeito de

interação reprodutor x rebanho. Os componentes de variância genética aditiva reduziram em 8, 2 e 7%, nas classes de alto, médio e baixo desvio-padrão fenotípico, respectivamente. As reduções nos componentes de efeito permanente de meio foram de 12, 8 e 6%, nas classes de alto, médio e baixo desvio-padrão fenotípico, respectivamente. Para os componentes de variâncias residuais, a redução foi menor que 1% em todas as classes de desvio-padrão fenotípicos.

Nas Tabelas 4 e 5 estão apresentadas as estimativas de herdabilidade e as proporções da variância total, referentes aos efeitos de ambiente permanente, de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, e residual, em análise geral, e em cada classe de desvio-padrão fenotípico.

As estimativas de herdabilidade foram um pouco maiores na classe de alto desvio-padrão fenotípico, devido ao maior aumento da variância genética aditiva em relação ao aumento da variância residual, da classe de baixo para a classe de alto desvio-padrão fenotípico. Na classe de baixo desvio-padrão fenotípico, as herdabilidades não se alteraram com a inclusão dos efeitos de interação no modelo, sendo de 0,34 para produção de leite e de 0,32, para produção de gordura. Na classe de alto desvio-padrão fenotípico, as estimativas foram menores nos modelos com interação, sendo de 0,37, 0,35 e 0,36, e de 0,35, 0,32 e 0,35, para produção de leite e gordura, nos modelos sem e com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, respectivamente.

HILL et al. (1983), LOFGREN et al. (1985), DE VEER e VAN VLECK (1987), DONG e MAO (1990) e ARAÚJO (2000), ao estudarem registros de vacas holandesas, encontraram tendência de aumento nas herdabilidades com o aumento no nível de produção dos rebanhos. Segundo HILL et al. (1983), o incremento da estimativa de herdabilidade com a elevação do nível de produção ocorre porque as vacas podem expressar melhor o seu potencial genético em rebanhos com altos níveis de produção,

Tabela 4 - Estimativas de herdabilidade e proporções da variância fenotípica em relação aos efeitos de ambiente permanente (C^1), efeito da interação reprodutor x rebanho (C^2) e reprodutor x rebanho-ano (C^3) quando consideradas no modelo, e efeito residual (e) para a característica produção de leite, em análise geral e em cada classe de desvio-padrão

	Baixo	Alto	Geral
Modelo sem interação			
h^2	0,34	0,37	0,36
C^1	0,02	0,03	0,03
e	0,63	0,60	0,61
Modelo com interação reprodutor x rebanho			
h^2	0,34	0,35	0,35
C^1	0,02	0,03	0,03
C^2	0,00	0,02	0,01
e	0,63	0,60	0,61
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano			
h^2	0,34	0,36	0,36
C^1	0,02	0,03	0,03
C^3	0,02	0,02	0,03
e	0,61	0,59	0,59

devido ao melhor ambiente oferecido com o controle de enfermidades e a melhor alimentação.

As proporções da variância total referente ao componente de ambiente permanente praticamente não diferiram entre as classes de desvio-padrão, e entre os diferentes modelos analisados. A proporção da variância fenotípica, para produção de leite, devido à interação reprodutor x rebanho, foi de 0 e 2,0%, para as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente, e para interação reprodutor x rebanho-ano foi de 2,0% em

Tabela 5 - Estimativas de herdabilidade e proporções da variância fenotípica em relação aos efeitos de ambiente permanente (C^1), efeito da interação reprodutor x rebanho (C^2) e reprodutor x rebanho-ano (C^3) quando consideradas no modelo, e efeito residual (e) para as características produção de gordura, em análise geral e em cada classe de desvio-padrão

	Baixo	Alto	Geral
Modelo sem interação			
h^2	0,32	0,35	0,34
C^1	0,02	0,03	0,03
e	0,66	0,62	0,63
Modelo com interação reprodutor x rebanho			
h^2	0,32	0,32	0,31
C^1	0,02	0,03	0,02
C^2	0,00	0,04	0,03
e	0,66	0,62	0,63
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano			
h^2	0,32	0,35	0,34
C^1	0,02	0,03	0,03
C^3	0,02	0,01	0,03
e	0,64	0,61	0,61

ambas as classes. Para produção de gordura, foi de 0 e 4,0%, com interação reprodutor x rebanho, e de 2,0 e 1,0%, com interação reprodutor x rebanho-ano, nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente.

ARAÚJO (2000), ao estratificar os rebanhos da raça holandesa em três classes (baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípico) para produção de leite, verificou que a proporção da variância total, em razão da interação reprodutor x rebanho, variou de 2,6 a 4,4%, entre as classes de desvios-padrão fenotípicos. RORATO et al. (2000) encontraram valores das proporções da variância total, devidas a interação touro x ano-época de, aproximadamente, 7,

4 e 4%, respectivamente, para o nível baixo, médio e alto de produção de leite média de rebanho, sugerindo que o efeito pode não ser importante sob o ponto de vista prático.

A proporção de variância total em razão da variância residual reduziu da classe de baixo desvio-padrão fenotípico para a classe de alto desvio-padrão fenotípico. Comportamento este, inverso ao apresentado pelas estimativas de herdabilidades. Com isso, presume-se que a maior parte da heterogeneidade de variâncias entre as classes de desvios-padrão fenotípicos, resulte de fatores genéticos. Segundo GARRICK e VAN VLECK (1987), em situações em que se verificam maiores herdabilidades em ambientes mais variáveis, haveria pequena redução no progresso genético ao se assumir homogeneidade de variâncias.

COSTA (1998), ao utilizar registros de produção de leite e de gordura de primeiras lactações de vacas da raça holandesa, os quais foram estratificados com base no desvio-padrão fenotípico das classes de rebanho-ano para produção de leite, nos níveis alto e baixo, verificou aumento dos componentes de variância da classe de baixo para a classe de alto desvio-padrão fenotípico, com maior aumento na variância residual, resultando em estimativas de herdabilidades para as produções de leite e de gordura, maiores (0,30 e 0,20, respectivamente) nos rebanhos de baixo desvio-padrão, em relação aos de alto desvio-padrão (0,23 e 0,20, respectivamente). TORRES (1998), com o intuito de verificar o efeito da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de vacas da raça holandesa no Brasil, dividiu os rebanhos em três classes de desvio-padrão fenotípico pela produção de leite, verificando aumento nas médias de produção e nos componentes de variâncias, com o aumento do desvio-padrão médio da classe. As estimativas de herdabilidade não tiveram o mesmo comportamento, sendo maior no nível médio de desvio-padrão (0,28), seguido do nível baixo (0,26) e o menor coeficiente foi encontrado no nível alto (0,25).

Os valores do logaritmo natural da função de verossimilhança e do teste da razão de verossimilhança, utilizados para verificar a significância dos

modelos com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, para as características produção de leite e gordura, em análise geral, e em cada classe de desvio-padrão fenotípico, estão na Tabela 6. Observa-se que a inclusão do efeito de interação reprodutor x rebanho nos modelos foi significativa ($P < 0,01$) para produção de gordura, em análise geral e na classe de alto desvio-padrão fenotípico, e a incorporação da interação reprodutor x rebanho-ano no modelo foi não significativa para todas as análises.

Nas Tabelas 7 e 8 estão as médias, os desvios-padrão, valores mínimos e máximos, e amplitudes dos valores genéticos dos reprodutores, para produção de leite e de gordura, obtidas em cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análise geral, desconsiderando as classes de desvio-padrão fenotípico, em modelos sem e com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano. As médias, os desvios-padrão e a amplitude dos valores genéticos preditos aumentaram da classe de menor desvio-padrão para a classe de maior desvio-padrão fenotípico, para produção de leite, em todas as análises. Para produção de gordura, as médias aumentaram, os desvios-padrão praticamente não alteraram, reduzindo quando o efeito de interação reprodutor x rebanho foi considerado no modelo, e as amplitudes dos valores genéticos diminuíram da classe de menor para a classe de maior desvio-padrão fenotípico, promovendo menor discriminação entre os valores genéticos dos reprodutores.

Os valores de correlações de Pearson e Spearman, entre as estimativas dos valores genéticos dos reprodutores, foram maiores que 0,99, nas duas classes de desvio-padrão fenotípico, e em análise geral, indicando que os reprodutores seriam classificados de forma similar pelos seus valores genéticos, incluindo-se ou não no modelo, os efeitos de interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano (Tabelas 9 e 10).

Tabela 6 - Valores do logaritmo natural das funções de verossimilhança ($\log_e L$) e do teste da razão de verossimilhança (LR), para modelos seqüencialmente reduzidos, obtidos para as características produção de leite e gordura, em análises de características única geral e nas classes de desvio-padrão fenotípico

Características de produção	Classes de desvio-padrão	$\log_e L$			LR	
		Sem interação	Com interação reprod x rebanho	Com interação reprod x reb-ano	reprod x rebanho	reprod x reb-ano
Leite	Análise geral	-49.528,89	-49.528,35	-49.526,70	1,07 ^{NS}	4,37 ^{NS}
	Baixo	-22.414,60	-22.414,60	-22.413,56	0,00	2,09 ^{NS}
	Alto	-26.985,06	-26.984,23	-26.984,50	1,66 ^{NS}	1,13 ^{NS}
Gordura	Análise geral	-28.383,91	-28.378,61	-28.382,20	10,59*	3,42 ^{NS}
	Baixo	-12.622,59	-12.622,59	-12.621,77	0,00	1,64 ^{NS}
	Alto	-15.638,27	-15.634,21	-15.638,04	8,13*	0,47 ^{NS}

^{NS} não significativo ($P > 0,01$)

* $P < 0,01$

Tabela 7 - Médias, desvios-padrão, valores mínimos, máximos e amplitudes de valores genéticos dos reprodutores para produção de leite, obtidas em cada classe de desvio-padrão fenotípico, e em análise geral, utilizando-se modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano

Valores Genéticos	Classe de desvio-padrão			
	Preditos	Baixo	Alto	Geral
<i>Sem interação</i>				
Média (kg)		18,64	132,84	129,58
Desvio-padrão(kg)		332,51	403,47	384,73
Mínimo (kg)		-1.084,00	-614,17	-669,99
Máximo (kg)		670,21	1.267,00	1.061,00
Amplitude (kg)		1.754,21	1.881,17	1.730,99
<i>Com interação</i>				
<i>reprodutor x rebanho</i>				
Média (kg)		18,64	131,26	125,64
Desvio-padrão(kg)		332,51	400,94	380,87
Mínimo (kg)		-1.084,00	-613,47	-661,50
Máximo (kg)		670,21	1.258,00	1.045,00
Amplitude (kg)		1.754,21	1.871,47	1.706,50
<i>Com interação</i>				
<i>reprodutor x rebanho-ano</i>				
Média (kg)		18,17	132,15	128,12
Desvio-padrão(kg)		331,95	400,99	382,78
Mínimo (kg)		-1.086,00	-611,06	-668,76
Máximo (kg)		677,65	1.258,00	1.055,00
Amplitude (kg)		1.763,65	1.869,06	1.723,70

Tabela 8 - Médias, desvios-padrão, valores mínimos, máximos e amplitudes de valores genéticos dos reprodutores para produção de gordura, obtidas em cada classe de desvio-padrão fenotípico, e em análise geral, utilizando-se modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano

Valores Genéticos	Classe de desvio-padrão			
	Preditos	Baixo	Alto	Geral
<i>Sem interação</i>				
Média (kg)		0,24	4,13	3,55
Desvio-padrão(kg)		13,32	13,65	13,78
Mínimo (kg)		-38,44	-24,76	-26,31
Máximo (kg)		31,48	42,45	41,23
Amplitude (kg)		69,92	67,20	67,54
<i>Com interação</i>				
<i>reprodutor x rebanho</i>				
Média (kg)		0,23	3,81	3,23
Desvio-padrão(kg)		13,30	12,78	13,16
Mínimo (kg)		-38,40	-22,78	-25,19
Máximo (kg)		31,37	37,22	37,13
Amplitude (kg)		69,77	60,00	62,33
<i>Com interação</i>				
<i>reprodutor x rebanho-ano</i>				
Média (kg)		0,20	4,11	3,49
Desvio-padrão(kg)		13,21	13,59	13,67
Mínimo (kg)		-37,94	-24,85	-26,44
Máximo (kg)		30,74	42,06	40,48
Amplitude (kg)		68,69	66,91	66,93

Tabela 9 - Correlações de Pearson entre os valores genéticos dos reprodutores para produção de leite e gordura, em cada classe de desvio-padrão e em análise única geral, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano

	<i>Produção de Leite</i>					
	Classe de desvio-padrão				Geral	
	Baixo		Alto			
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	1,00000	0,99976	0,99999	0,99986	0,99925	0,99979
CIRR ²		0,99976		0,99985		0,99955
<i>Produção de Gordura</i>						
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	1,00000	0,99978	0,99383	0,99989	0,99308	0,99967
CIRR ²		0,99982		0,99485		0,99490

¹SI = modelo sem interação; ²CIRR=modelo com interação reprodutor x rebanho; ³CIRRA=modelo com interação reprodutor x rebanho-ano;

Tabela 10 - Correlações de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores para produção de leite e gordura, em cada classe de desvio-padrão e em análise única geral, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano

<i>Produção de Leite</i>						
	Classe de desvio-padrão				Geral	
	Baixo		Alto			
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	1,0000	0,99951	0,99986	0,99951	0,99923	0,99944
CIRR ²		0,99951		0,99958		0,99923
<i>Produção de Gordura</i>						
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	0,99990	0,99888	0,99010	0,99958	0,98670	0,99857
CIRR ²		0,99892		0,99073		0,98978

¹SI = modelo sem interação; ²CIRR=modelo com interação reprodutor x rebanho; ³CIRRA=modelo com interação reprodutor x rebanho-ano;

Análises de Características Múltiplas

As estimativas de componentes de (co)variância referentes aos efeitos genético aditivo, de ambiente permanente, de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, quando consideradas no modelo, e residual, para produção de leite e de gordura do leite, ajustada a duas ordenhas diárias, a 305 dias de lactação, e a idade adulta da vaca, são apresentadas nas Tabelas 11 e 12.

Os componentes de variância, como observado em análises de características únicas, aumentaram da classe de baixo desvio-padrão para a classe de alto desvio-padrão fenotípico, evidenciando a presença de heterogeneidade de variância.

As estimativas de componentes de variância genética aditiva, para as duas características, obtidas pelo modelo que incluiu o termo de interação reprodutor x rebanho, reduziram e os componentes de variância residual praticamente não alteraram. Quando o modelo considerou o efeito da interação reprodutor x rebanho-ano, houve reduções nas estimativas de componentes de variância genética aditiva e residual, para produção de leite. Para produção de gordura, as estimativas do componente genético praticamente não modificaram, havendo reduções no componente residual. Os componentes de variância referentes ao efeito de ambiente permanente, para produção de leite, aumentaram com a inclusão dos efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano no modelo, principalmente na classe de baixo desvio-padrão fenotípico, e foram próximas a zero para produção de gordura nas duas classes.

Quando comparadas com as estimativas de características únicas, os componentes de variância genética aditiva, obtidos nas análises de características múltiplas foram maiores, para as duas características, produção de leite e gordura, exceto para produção de leite na classe de alto desvio-padrão fenotípico, obtida pelo modelo com interação reprodutor x rebanho, que foi menor. Os componentes de variância referentes aos efeitos de ambiente permanente e de interação, reprodutor x rebanho e reprodutor x

Tabela 11 - Estimativas de componentes de variância e covariância genética aditiva, ambiente permanente, interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, quando consideradas no modelo, e residual para produção de leite, obtidas pelos modelos sem e com interação

Classes de desvios-padrão	Modelo sem interação		Modelo com interação reprodutor x rebanho		Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano	
	Baixo	Alto	Baixo	Alto	Baixo	Alto
Componentes de (co)variância genética aditiva (kg ²)						
Baixo	378.964,77747	504.378,10576	349.741,93341	459.102,11282	354.074,25680	475.501,12041
Alto		671.295,29893		602.657,93107		638.570,33143
Componentes de variância de ambiente permanente (kg ²)						
Baixo	17.222,92163	0,00000	21.794,80852	0,00000	21.123,57224	0,00000
Alto		47.524,27557		49.896,58604		52.380,20760
Componentes de variância da interação (kg ²)						
Baixo			0,02664	0,00000	22.095,85509	0,00000
Alto				23.343,34251		30.765,86144
Componentes de (co)variância residual (kg ²)						
Baixo	643.748,16407	0,00000	644.031,75437	0,00000	625.250,95981	0,00000
Alto		1.048.875,04126		1.048.003,32445		1.022.176,03574

Tabela 12 - Estimativas de componentes de variância e covariância genética aditiva, ambiente permanente, interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, quando consideradas no modelo, e residual para produção de gordura, obtidas pelos modelos sem e com interação

Classes de desvios-padrão	Modelo sem interação		Modelo com interação reprodutor x rebanho		Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano	
	Baixo	Alto	Baixo	Alto	Baixo	Alto
Componentes de (co)variância genética aditiva (kg ²)						
Baixo	585,50719	801,13519	562,90052	731,56849	582,52085	799,01439
Alto		1.096,17543		950,77662		1.095,96957
Componentes de variância de ambiente permanente (kg ²)						
Baixo	0,00026	0,00000	0,00015	0,00000	0,00010	0,00000
Alto		0,00011		0,00003		0,00008
Componentes de variância da interação (kg ²)						
Baixo			0,00042	0,00000	31,53070	0,00000
Alto				134,70837		59,27220
Componentes de (co)variância residual (kg ²)						
Baixo	1.005,89445	0,00000	1.011,66283	0,00000	981,28243	0,00000
Alto		1.743,76731		1.722,56144		1.690,93188

rebanho-ano, foram menores, quando comparados com as estimativas de características únicas, exceto para produção de gordura, na classe de alto desvio-padrão fenotípico, em que as estimativas dos componentes de interação foram maiores. As estimativas de componentes residuais foram bem próximas das obtidas nas análises de característica única, para produção de leite, e relativamente maiores, para produção de gordura, mas o aumento da variância genética aditiva foi proporcionalmente maior, resultando em estimativas de herdabilidades maiores nas análises de características múltiplas (Tabelas 13 e 14). Segundo TORRES (1998), o incremento no número de informações em análises de características múltiplas, que utiliza o parentesco entre os animais nas diferentes classes de desvio-padrão, contribui para resgatar maior proporção da variância genética aditiva.

As estimativas de herdabilidades (Tabelas 13 e 14), seguindo o mesmo comportamento dos componentes de variância, foram maiores na classe de alto desvio-padrão, menos, para produção de gordura, na classe de baixo desvio-padrão, quando o modelo incluiu o efeito de interação reprodutor x rebanho, para a qual maior herdabilidade foi observada em consequência de maior redução no componente de variância genética aditiva, na classe de alto desvio-padrão (13,3%), em relação à de baixo desvio-padrão fenotípico (3,8%), enquanto os componentes de variância residual praticamente não alteraram. Para as duas características, as herdabilidades foram próximas entre si, quando obtidas pelos modelos com e sem interação, com pequena redução nas estimativas na classe de alto desvio-padrão fenotípico, quando obtidas pelo modelo com interação reprodutor x rebanho, em razão do efeito de interação e do aumento da proporção da variância total referente à variância residual.

As proporções da variância fenotípica total devido ao efeito de ambiente permanente não alteraram, com a inclusão nos modelos dos efeitos de interação, sendo respectivamente, de 2% e 3% para produção de leite, nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, e próximas a zero em todas as análises para produção de gordura, revelando que este efeito contribui pouco

Tabela 13 - Estimativas de herdabilidades (h^2), correlações genéticas (r_g) e proporções da variância total devido à variância do efeito permanente de meio (C^1), ao efeito da interação reprodutor x rebanho (C^2), ao efeito da interação reprodutor x rebanho-ano (C^3) e ao efeito residual (e), para produção de leite

		Modelo com interação					
		Modelo sem interação		reprodutor x rebanho		reprodutor x rebanho-ano	
		Baixo	Alto	Baixo	Alto	Baixo	Alto
h^2 e r_g	Baixo	0,36	1,00	0,34	1,00	0,35	1,00
	Alto		0,38		0,35		0,37
C^1	Baixo	0,02	0,00	0,02	0,00	0,02	0,00
	Alto		0,03		0,03		0,03
C^2	Baixo			0,00	0,00		
	Alto				0,01		
C^3	Baixo					0,02	0,00
	Alto						0,02
e	Baixo	0,62	0,00	0,63	0,00	0,61	0,00
	Alto		0,59		0,61		0,59

Tabela 14 - Estimativas de herdabilidades (h^2), correlações genéticas (r_g) e proporções da variância total devido à variância do efeito permanente de meio (C^1), ao efeito da interação reprodutor x rebanho (C^2), ao efeito da interação reprodutor x rebanho-ano (C^3) e ao efeito residual (e), para produção de gordura do leite

		Modelo com interação					
		Modelo sem interação		reprodutor x rebanho		reprodutor x rebanho-ano	
		Baixo	Alto	Baixo	Alto	Baixo	Alto
h^2 e r_g	Baixo	0,37	1,00	0,36	1,00	0,37	1,00
	Alto		0,39		0,34		0,39
C^1	Baixo	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
	Alto		0,00		0,00		0,00
C^2	Baixo			0,00	0,00		
	Alto				0,05		
C^3	Baixo					0,02	0,00
	Alto						0,02
e	Baixo	0,63	0,00	0,64	0,00	0,62	0,00
	Alto		0,61		0,61		0,59

para a variabilidade de produção. A proporção da variância total explicada pelos componentes de variância de interação reprodutor x rebanho foi de 0 e 1,0% para produção de leite, e de 0 e 5,0%, para produção de gordura, nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente, enquanto a interação reprodutor x rebanho-ano representou, aproximadamente, 2,0% da variância total para ambas as características, nas duas classes de desvio-padrão.

As correlações genéticas entre as duas classes de desvio-padrão fenotípico, em todas as análises realizadas, foram iguais à unidade, indicando que filhas de um mesmo reprodutor apresentarão desempenhos semelhantes nas duas classes. Sob o ponto de vista prático, este resultado significa que filhas de um reprodutor expressarão o mesmo grupo de genes independente do nível de produção em que estiverem os rebanhos nos quais irão realizar seus desempenhos.

BOLDMAN e FREEMAN (1990) encontraram correlações genéticas entre três níveis de produção de leite, 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). COSTA (1998) verificou correlações genéticas entre as classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos da produção de leite, de 0,997 e 0,985, para produções de leite e gordura, respectivamente. ARAÚJO et al. (2002) detectaram correlações genéticas de 0,85 e 0,79, para produção de leite e de gordura, respectivamente, entre os níveis baixo e alto de produção.

A inclusão dos efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano no modelo foi evidenciada ($P < 0,01$) para produção de gordura. Na característica produção de leite, não foi observado aumento ($P < 0,01$) da função de verossimilhança ao considerar os efeitos de interação no modelo (Tabela 15).

Médias, desvios-padrão, valores mínimos, máximos e amplitudes dos valores genéticos dos reprodutores para as produções de leite e gordura, são apresentadas na Tabela 16. Maiores médias, desvios-padrão e amplitudes foram encontradas na classe de alto desvio-padrão, para ambas as

Tabela 15 - Valores do logaritmo natural das funções de verossimilhança para modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, e teste de verossimilhança para modelo seqüencialmente reduzido (LR) para produção de leite e gordura em análise de características múltiplas, considerando duas classes de desvio-padrão

Produção de leite			
Modelo	sem interação	com interação reprod x rebanho	com interação reprod x reb-ano
Log _e L	-49.390,60	-49.388,82	-49.388,02
LR		3,55 (P>0,01) ¹	5,15 (P>0,01) ²

Produção de gordura			
Modelo	sem interação	com interação reprod x rebanho	com interação reprod x reb-ano
Log _e L	-28.283,94	-28.274,16	-28.272,57
LR		19,55 (P<0,01) ¹	22,73(P<0,01) ²

¹LR para modelo sem e com interação reprodutor x rebanho

²LR para modelo sem e com interação reprodutor x rebanho-ano

características, indicando que reprodutores que possuem filhas em rebanhos mais variáveis, teriam maiores valores genéticos, pois as produções das filhas oriundas de rebanhos mais variáveis influenciam mais a avaliação genética de reprodutores, que as produções das filhas oriundas de rebanhos menos variáveis.

Não foi observada uma correspondência direta dos resultados obtidos nas análises de características múltiplas com os resultados obtidos nas análises de característica única, ocorrendo menor discriminação entre os reprodutores nas diferentes classes de desvio-padrão, quando se adotou as análises de características múltiplas, em decorrência de menores diferenças na média e amplitudes dos valores genéticos entre as classes.

Tabela 16 - Médias, desvios-padrão, valores mínimos, máximos e amplitudes de valores genéticos dos reprodutores para produção de leite e gordura, obtidos de análises de características múltiplas, por classe de desvio-padrão fenotípico, utilizando-se modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano

	<i>Sem interação</i>		<i>Com interação reprodutor x rebanho</i>		<i>Com interação reprodutor x rebanho-ano</i>	
	Baixo	Alto	Baixo	Alto	Baixo	Alto
Produção de leite						
Média (kg)	104,31	138,83	99,34	130,41	79,52	106,79
Desvio-padrão(kg)	331,92	441,76	328,50	431,22	289,42	388,68
Mínimo (kg)	-706,98	-940,93	-715,80	-939,62	-718,28	-964,60
Máximo (kg)	850,67	1.132,00	820,60	1.077,00	794,90	1.068,00
Amplitude (kg)	1.557,65	2.072,93	1536,40	2.016,62	1.513,18	2.032,60
Produção de gordura						
Média (kg)	2,84	3,89	2,72	3,53	2,80	3,84
Desvio-padrão(kg)	11,97	16,38	12,18	15,82	11,89	16,31
Mínimo (kg)	-26,58	-36,37	-28,09	-36,51	-26,07	-35,76
Máximo (kg)	33,74	46,17	32,49	42,23	33,16	45,48
Amplitude (kg)	60,32	82,54	60,59	78,74	59,23	81,25

Os valores genéticos foram menores quando se ajustou o modelo para os efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano. No entanto, as correlações de Pearson e Spearman, entre os valores genéticos preditos nos três modelos, foram iguais a 1,0 (Tabelas 17 e 18).

Nas Tabelas 19 e 20 estão apresentadas as correlações de Pearson e Spearman, obtidas pelos modelos sem e com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, entre os valores genéticos preditos em análise de característica única geral e em análise de característica única em cada classe de desvio-padrão fenotípico e em análises de características múltiplas, para as características produção de leite e gordura.

As correlações entre os valores genéticos, obtidos em análises de característica única, e em análises de característica única em cada classe de desvio-padrão fenotípico, foram menores que as correlações entre os valores genéticos obtidos em análises de característica única geral e em análises de características múltiplas. Correlações de Pearson e Spearman obtiveram valores bem próximos e praticamente não alteraram quando os efeitos de interação foram considerados nas análises, para ambas as características.

Como pode ser constatado, os valores genéticos obtidos em análise geral são correlacionados de forma similar com as duas classes de desvio-padrão fenotípico, sejam obtidas por análises de característica única ou múltiplas. Correlações de Pearson e Spearman entre as classes de desvio-padrão fenotípico obtidas a partir de análise única geral e de análises de características múltiplas, para produção de leite e gordura, utilizando modelos sem e com interação, foram iguais a 1,0, indicando que os reprodutores seriam classificados de forma semelhante, pelos seus valores genéticos preditos, nas duas classes de desvio-padrão.

Esta semelhança na magnitude das estimativas de correlações genéticas decorre, provavelmente, de condições homogêneas com relação ao ambiente em que os animais são criados, e também ao padrão genético dos rebanhos.

Tabela 17 - Correlações de Pearson entre os valores genéticos dos reprodutores para produção de leite e gordura, em análise única geral e em análises de características múltiplas, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano

<i>Produção de Leite</i>						
	Classe de desvio-padrão				Geral	
	Baixo		Alto			
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	0,99946	0,90684	0,99946	0,90684	0,99925	0,99979
CIRR ²		0,90088		0,90088		0,99955
<i>Produção de Gordura</i>						
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	0,99592	0,99980	0,99592	0,99980	0,99278	0,99966
CIRR ²		0,99607		0,99607		0,99468

¹SI = modelo sem interação; ²CIRR=modelo com interação reprodutor x rebanho; ³CIRRA=modelo com interação reprodutor x rebanho-ano;

Tabela 18 - Correlações de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores para produção de leite e gordura, em cada classe de desvio-padrão e em análise única geral, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e com interação reprodutor x rebanho-ano

	<i>Produção de Leite</i>					
	Classe de desvio-padrão				Geral	
	Baixo		Alto			
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	0,99787	0,90362	0,99787	0,90983	0,99927	0,99937
CIRR ²		0,89826		0,90462		0,99923
	<i>Produção de Gordura</i>					
	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³	CIRR ²	CIRRA ³
SI ¹	0,99395	0,99916	0,99395	0,99916	0,98607	0,99885
CIRR ²		0,99461		0,99461		0,98870

¹SI = modelo sem interação; ²CIRR=modelo com interação reprodutor x rebanho; ³CIRRA=modelo com interação reprodutor x rebanho-ano;

Tabela 19 - Correlações de Pearson e Spearman entre valores genéticos dos reprodutores, obtidos em cada classe de desvio-padrão e em análise única geral para produção de leite e gordura, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano

Classe de desvio-padrão	Correlações de Pearson		Correlações de Spearman	
	Baixo	Alto	Baixo	Alto
<i>Produção de leite</i>				
Modelo sem interação				
Geral	0,81	0,82	0,82	0,78
Baixo		0,40		0,42
Modelo com interação reprodutor x rebanho				
Geral	0,81	0,82	0,82	0,78
Baixo		0,40		0,42
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano				
Geral	0,81	0,82	0,83	0,77
Baixo		0,40		0,42
<i>Produção de gordura</i>				
Modelo sem interação				
Geral	0,82	0,80	0,83	0,71
Baixo		0,41		0,35
Modelo com interação reprodutor x rebanho				
Geral	0,81	0,83	0,81	0,76
Baixo		0,41		0,36
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano				
Geral	0,82	0,81	0,83	0,72
Baixo		0,41		0,35

Tabela 20 - Correlações de Pearson e Spearman entre valores genéticos dos reprodutores, obtidos a partir de análise única geral e de análises de características múltiplas para produção de leite e gordura, utilizando os modelos sem, com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano

Classe de desvio-padrão	Correlações de Pearson		Correlações de Spearman	
	Baixo	Alto	Baixo	Alto
<i>Produção de leite</i>				
Modelo sem interação				
Geral	0,99	0,99	0,99	0,99
Baixo		1,00		1,00
Modelo com interação reprodutor x rebanho				
Geral	0,99	0,99	0,99	0,99
Baixo		1,00		1,00
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano				
Geral	0,89	0,89	0,90	0,90
Baixo		1,00		1,00
<i>Produção de gordura</i>				
Modelo sem interação				
Geral	0,99	0,99	0,99	0,99
Baixo		1,00		1,00
Modelo com interação reprodutor x rebanho				
Geral	0,98	0,98	0,97	0,97
Baixo		1,00		1,00
Modelo com interação reprodutor x rebanho-ano				
Geral	0,99	0,99	0,99	0,99
Baixo		1,00		1,00

CONCLUSÕES

As correlações entre os valores genéticos preditos de modelos sem e com interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, foram superiores a 0,99, não ocorrendo mudança na ordenação dos reprodutores, não havendo assim necessidade de incorporar no modelo estatístico os efeitos de interação.

Os valores genéticos preditos dos reprodutores, obtidos em análise geral, sem considerar as classes de desvio-padrão fenotípico, foram igualmente correlacionados com cada uma das classes de desvio-padrão, em todas as análises, para as duas características.

Esses resultados indicam que os reprodutores seriam classificados de forma semelhante, pelos seus valores genéticos, nas duas classes de desvio-padrão, e que a heterogeneidade de variâncias poderia ser desconsiderada sem afetar a acurácia das avaliações genéticas da raça Pardo-Suíça no Brasil.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, C. V. de. *Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa*. Viçosa, MG: UFV, 2000. 80 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- 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.
- BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., VAN VLECK, L. D., VAN TASSELL, C. P., KACHMAN, S. D. *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.
- COSTA, C. N. *Genetic relationships for milk and fat yields between Brazilian and United States Holstein cattle populations*. Ithaca (NY): Cornell University, 1998. 175 p. Thesis (Doctor of Philosophy) - Ithaca (NY), 1998.
- DE VEER, J. C., VAN VLECK, L. D. 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.
- DONG, M. C., MAO, I. L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. *Journal of Animal Science*, v.73, n.3, p.843-851, 1990.
- FAMULA, T. R. Detection of heterogeneous variance in herd production groups. *Journal of Dairy Science*, v. 72, n. 3, p. 715-721, 1989.
- GARRICK, D. J., VAN VLECK, L. D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. *Journal of Animal Science*, v. 65, n.2, p.409-421, 1987.
- GIANOLA, D. Selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. *Theoretical and Applied Genetic*, v. 72, n. 5, p. 671-677, 1986.
- HENDERSON, C. R. *Application of linear models in animal breeding*. University of Guelph, 1984. 462 p.

- HILL, W. G., EDWARDS, M. R., AHMED, M. K. A., THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Animal Production*, v.36, n.1, p. 59-68, 1983.
- LOFGREN, D. J., VINSON, W. E., PEARSON, R. E. et al. Heritability of milk yield at different herd means and variance for production. *Journal of Dairy Science*, v. 68, n. 10, p. 2737-2739, 1985.
- MEUWISSEN, T. H. E., VAN DER WERF, J. H. J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. *Livestock Production Science*, v. 33, p. 31-41, 1993.
- RAO, C. R. *Linear statistical inference and its applications*. 2. ed., New York: John Wiley e Sons, 1973. 552 p.
- RORATO, P. R. N., VAN VLECK, D., VERNEQUE, R. S., MARTINEZ, M. L., VALENTE, J., GADINI, C. H. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça holandesa no Brasil. 2. Uso de um modelo animal. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 29, n. 6, p. 2030-2035, 2000.
- RENNÓ, F. P. *Aspectos produtivos da raça Pardo-Suiça no Brasil*. Viçosa, MG: UFV, 2001. 100 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. *SAS User's Guide: Statistics version 6*, fourth edition. Cary: SAS Intitute Inc., 1990. 1686 p.
- SEARLE, S. R. *Matrix algebra for biological science*. New York: Jhon Wiley and Sons, 1966. 296 p.
- TORRES, R. A. *Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil*. Belo Horizonte: UFMG, 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal da Minas Gerais, 1998.
- VINSON, W. E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. *Journal of Dairy Science*, v.70, n.9, p.2450-2455, 1987.

RESUMO E CONCLUSÕES GERAIS

Dados provenientes do controle leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Gado Pardo-Suíço (ABCGPS) foram utilizados para avaliar o efeito da heterogeneidade de variâncias das características, produção de leite e gordura, na avaliação genética de reprodutores, e ainda verificar a influência dos efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano nos modelos em análise.

A estimação de componentes de (co)variâncias e a predição dos valores genéticos foram feitas pelo programa MTDFREML (Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas), utilizando-se três modelos animais, que diferiam somente na inclusão ou não do efeito da interação reprodutor x rebanho ou reprodutor x rebanho-ano, em análises de características única e múltipla.

Para avaliar a importância da inclusão da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano nos modelos, foram conduzidas análises de características múltiplas, para produção de leite e gordura.

As estimativas de componentes de variância genética aditiva e residual, para produção de leite, apresentaram variações inferiores a 1% com a inclusão dos efeitos de interação no modelo. Para produção de gordura, houve redução em 2,74% e aumento em 0,66%, com a inclusão do efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, respectivamente, no

componente de variância genético aditivo, e reduções inferiores a 1%, na variância residual.

As estimativas de herdabilidade não variaram entre os modelos para as características em estudo. A proporção da variância total, referente ao componente de variância do efeito de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano, foi de pequena magnitude.

A inclusão dos efeitos de interação nos modelos, não provocou consideráveis alterações sobre as estimativas de componentes de variâncias, contudo esses efeitos, quando considerados nas análises, provocaram aumentos ($P < 0,01$) no logaritmo natural da função de verossimilhança, indicando superioridade do modelo, quando se incluiu o efeito de interação.

A amplitude entre os valores genéticos preditos dos reprodutores, que praticamente não alterou, e as altas correlações de Pearson e Spearman, para ambas características, indicam que a magnitude dos valores genéticos e o ordenamento dos reprodutores não foram alterados com a inclusão dos efeitos de interação nos modelos em análise.

Com base nos resultados obtidos, o efeito da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano não se mostraram importantes, podendo ser desconsiderados na avaliação genética da raça Pardo-Suíça, para as características produção de leite e gordura do leite.

No estudo de heterogeneidade de variâncias, os registros de produção de leite e gordura foram divididos em duas classes distintas, de acordo com os desvios-padrão fenotípicos dos rebanhos, para a característica produção de leite ajustada a duas ordenhas diárias, a 305 dias de lactação e a idade adulta da vaca. O objetivo do estudo foi verificar o efeito da inclusão da interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano nos modelos, como forma de ajustamento da heterogeneidade de variâncias e a influência da mesma nas avaliações genéticas de reprodutores.

Os componentes de variâncias foram estimados, e os valores genéticos dos reprodutores foram preditos em análises de característica única geral, em análises de característica única, em cada classe de desvio-padrão e em análises

de características múltiplas, em que a característica em cada classe de desvio-padrão fenotípico foi considerada como característica diferente.

As estimativas dos componentes de variâncias, para produção de leite e gordura, em todas as análises, aumentaram da classe de baixo para a de alto desvio-padrão fenotípico, e pouco alteraram com a inclusão nos modelos dos efeitos de interação.

As estimativas de herdabilidade foram maiores na classe de alto desvio-padrão fenotípico, devido ao maior aumento da variância genética aditiva em relação ao aumento da variância residual, da classe de baixo para a classe de alto desvio-padrão fenotípico.

Nas análises de característica única, as herdabilidades não se alteraram na classe de baixo desvio-padrão fenotípico, com a inclusão dos efeitos de interação no modelo. Na classe de alto desvio-padrão fenotípico, as estimativas foram menores nos modelos com interação. A inclusão do efeito de interação reprodutor x rebanho nos modelos foi evidenciada ($P < 0,01$), para produção de gordura, em análise geral e na classe de alto desvio-padrão fenotípico, e a incorporação da interação reprodutor x rebanho-ano no modelo foi não significativa em todas as análises.

Os componentes de variância genética aditiva, obtidos nas análises de características múltiplas foram maiores, quando comparados com as estimativas de característica única, para as duas características, exceto para produção de leite na classe de alto desvio-padrão fenotípico, obtida pelo modelo com interação reprodutor x rebanho, que foi menor.

As estimativas de componentes residuais foram bem próximas das obtidas nas análises de característica única, para produção de leite, e relativamente maiores para produção de gordura, mas o aumento da variância genética aditiva foi proporcionalmente maior, resultando em estimativas de herdabilidades maiores nas análises de características múltiplas.

As correlações genéticas entre as duas classes de desvio-padrão fenotípico, em todas as análises realizadas, foram iguais à unidade, indicando

que filhas do mesmo reprodutor apresentarão desempenhos semelhantes nas duas classes.

Nas análises de características múltiplas, a inclusão dos efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano no modelo foi evidenciada ($P < 0,01$) para produção de gordura. Maiores médias de valores genéticos, desvios-padrão e amplitudes foram encontradas na classe de alto desvio-padrão, para ambas as características, indicando que reprodutores que possuem filhas em rebanhos mais variáveis teriam maiores valores genéticos. Os valores genéticos foram menores quando se ajustou o modelo para os efeitos de interação reprodutor x rebanho e reprodutor x rebanho-ano. No entanto, as correlações de Pearson e Spearman, entre os valores genéticos preditos nos três modelos não diferiram de 1,0.

As correlações entre os valores genéticos, obtidos em análises de característica única, e em análises de característica única em cada classe de desvio-padrão fenotípico, foram menores que as correlações entre os valores genéticos obtidos em análises de característica única geral e em análises de características múltiplas. Os valores das correlações de Pearson e Spearman foram bem próximos e praticamente não alteraram quando os efeitos de interação foram considerados nas análises, para ambas as características.

Os valores genéticos obtidos em análise geral são correlacionados de forma similar com as duas classes de desvio-padrão fenotípico, sejam obtidas por análises de característica única ou múltiplas. Correlações de Pearson e Spearman entre as classes de desvio-padrão fenotípico obtidas a partir de análise única geral e de análises de características múltiplas, para produção de leite e gordura, utilizando modelos sem e com interação, foram iguais a 1,0, indicando que os reprodutores seriam classificados de forma semelhante, pelos seus valores genéticos preditos, nas duas classes de desvio-padrão.

Diante desses resultados, a heterogeneidade de variância poderia ser desconsiderada sem afetar a acurácia das avaliações genéticas da raça Pardo-Suíça no Brasil.