

HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ EM ANÁLISES COM EFEITOS MATERNOS¹

JOSÉ ELIVALTO GUIMARÃES CAMPÊLO², PAULO SÁVIO LOPES³, ROBLÊDO DE ALMEIDA TORRES³, LUÍS OTÁVIO CAMPOS SILVA⁴, RICARDO FREDERICO EUCLYDES³, CLÁUDIO VIEIRA DE ARAÚJO⁵, CARMEM SILVA PEREIRA⁶

¹ Parte da Tese de Doutorado do primeiro autor. Financiamento CAPES-PICDT e UFV

² Professor do Departamento de Zootecnia – Universidade Federal do Piauí, ds27653@correio.ufv.br.

³ Professores do Departamento de Zootecnia – Universidade Federal de Viçosa, plopes@mail.ufv.br

⁴ EMBRAPA – Gado de Corte. Caixa Postal 154, 79002-970, locs@cnpqc.embrapa.br

⁵ Estudante de Doutorado - Universidade Federal de Viçosa, araujocv@bol.com.br.

⁶ Professora Visitante do Departamento de Zootecnia – Universidade Federal de Viçosa. carmensp@mail.ufv.br.

RESUMO: Com dados da raça Tabapuã, objetivou-se verificar a influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte. Estratificou-se os dados, com base no desvio-padrão fenotípico dos grupos de contemporâneos do peso a 120 dias, em três classes: baixo (< 14,9 kg), médio (de 14,9 a 18,3 kg) e alto (>18,9 kg) desvio-padrão. Realizou-se análises bicaracterística, com o peso tratado em cada classe como característica distinta, em modelos com efeitos maternos. Constatou-se que as variâncias genéticas e residuais cresceram com o aumento do desvio-padrão fenotípico da classe, implicando em herdabilidades maiores na classe de alto desvio-padrão fenotípico. As correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos obtidos na análise geral e nas análises de características múltiplas foram inferiores a 0,89. Ficou caracterizado a presença de heterogeneidade de variância genéticas direta, materna e residual, e, a tendência de animais com maior valor genético estarem associados a situações de maior variabilidade, indicando que esse fato pode também ser esperado em avaliações genéticas realizadas em nível nacional..

PALAVRAS-CHAVE: componente de variância, correlações, efeitos maternos, parâmetros genéticos, variâncias heterogêneas

(The authors are responsible for the quality and content of the title, abstract and keywords)

HETEROGENEITY OF VARIANCE IN THE GENETIC EVALUATION OF TABAPUÃ BEEF CATTLE BREED IN ANALYSES WITH MATERNAL EFFECTS

ABSTRACT: This work was developed to verify the influence of the heterogeneity of variance in the genetic evaluation of Tabapuã beef cattle breed sires. The data were classify based in phenotypic standard deviation of the contemporary groups of the weight at 120 days of age, in three classes: low (<14.9 kg), medium (of 14.9 to 18.9 kg) and high (>18.9 kg). It was analyzed by multiple traits, using the weight in each class as different trait, in models with maternal effects. It was verified that the genetic and residual variances increased with the increase of the phenotypic standard deviation of the class, implying in larger heritabilitis in the class of high phenotypic standard deviation. The Pearson and of Spearman correlation among the genetic values obtained in the general analysis and in the analyses of multiple traits were smaller than 0,89. The presence of the direct and maternal genetic and residual heterogeneity of variance was observed. It was verified the tendency of animals with larger genetic value be associated the situations of larger phenotypic variability, and that fact can expected in national genetic evaluations..

KEY WORDS: correlation, genetic parameters, heterogeneous variances, maternal effects, variance component

INTRODUÇÃO

Nas avaliações genéticas realizadas em nível nacional, o problema de variâncias heterogêneas, em análises com BLUP, foi mais estudado em gado de leite do que em de corte. Essas avaliações, geralmente, são realizadas envolvendo registros de produção coletados em rebanhos que apresentam grande variação com relação a região geográfica; ao manejo alimentar e sanitário, e às diferenças genéticas dos animais. Por essa razão, os rebanhos diferem muito em nível de média de produção e em variância fenotípica, nas principais características de importância econômica.

Muitos resultados de pesquisa, especialmente com gado de leite, têm mostrado que a desconsideração das diferenças de variabilidade entre rebanhos, ou mesmo entre outros níveis de estratificações dos dados adotadas, tem levado a uma concentração de animais selecionados daqueles rebanhos com expressão de maior variabilidade fenotípica (VINSON, 1987). A maior influência, no entanto, tem sido constatada na avaliação das matrizes (CARVALHEIRO et al., 2000), pois estas geralmente expressam suas produções em um único rebanho (BROTHERSTONE e HILL, 1986).

Neste estudo, objetivou-se avaliar a influência de variâncias genéticas e residuais heterogêneas sobre as estimativas de parâmetros genéticos das características de crescimento em bovinos de corte da raça Tabapuã, mediante o uso de técnica de divisão dos dados em subclasses mais homogêneas, com modelos com efeitos maternos.

MATERIAL E MÉTODOS

Analisou-se dados de pesos de animais da raça Tabapuã criados a pasto, que fazem parte do Arquivo de Escrituração Zootécnica Nacional da raça, pertencente à ABCZ. Utilizou-se neste estudo a proposta de obtenção de componentes de variâncias com os dados agrupados em subclasses heterogêneas entre si. Dados de pesos corrigidos para 120 e 240, foram estratificados, com base no desvio-padrão fenotípico dos grupos de contemporâneos do peso a 120 dias, em três classes: baixo (< 14,9 kg), médio (de 14,9 a 18,3 kg) e alto (>18,9 kg) desvio-padrão.

Os modelos utilizados nas análises consideraram os efeitos fixos de grupos de contemporâneos (sexo, rebanho, ano e estação de nascimento), a idade da vaca como covariável (efeitos linear e quadrático) e efeitos aleatórios de animal, mãe e erro. Tentou-se realizar análises com três características e com efeitos maternos no modelo, porém, como não conseguiu-se convergência no nível de variância do simplex preestabelecido, resolveu-se realizar as análises com apenas duas características, com dados dos arquivos I (classes de baixo e médio desvio-padrão), II (classes de baixo e alto desvio-padrão) e III (classes de médio e alto desvio-padrão), considerando-se o peso em cada classe de desvio-padrão como características distintas. O modelo não diferiu do utilizado na análise de característica única, no entanto, considerou-se uma distribuição multivariada.

Utilizando-se modelo animal, as estimativas dos componentes de (co)variâncias no conjunto de dados total e também em cada classe de desvio-padrão fenotípico, foram obtidas pelo uso do programa MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood) BOLDMAN et al. (1995). Adotou-se critério de convergência, com a variância dos valores do 'simplex' sendo menor que '10⁻⁹'.

Calculou-se correlação de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores presentes no arquivo usado nas análises de característica única geral e nos arquivos das análises com o mesmo peso em cada classe de desvio-padrão..

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias dos pesos e variâncias mostraram-se com maiores valores na classe de maior desvios-padrão (dados não apresentados). Na Tabela 1 estão as variâncias genéticas direta, materna e residuais; as herdabilidade direta, materna e dos efeitos genéticos totais. Observou-se que estas variâncias foram maiores na classe de maior desvio-padrão (arquivos I, II e III), porém uma exceção foi o componente materno do peso a 120 dias na análise com o arquivo III. Estes resultados indicaram que, nas duas idades, maiores médias de pesos associaram-se à maiores variâncias aditivas e residuais, similarmente ao que foi constatado por HILL et al. (1983), TORRES et al. (2000) e ARAÚJO (2000), para produção de leite.

Em ambos os pesos observou-se tendência de maiores valores de herdabilidades direta e materna nas classes de maior desvio-padrão, porém com exceções. Já as herdabilidades dos efeitos genéticos totais foram maiores nas classes de maior variância fenotípica, assemelhando-se ao comportamento observado,

para herdabilidade direta, por HILL et al. (1983), POWELL et al. (1983). Maiores valores de herdabilidades nas classes mais variáveis, segundo VINSON (1987), tem sido atribuído às melhores condições de manejo destas, que possibilitariam melhor expressão do verdadeiro potencial genético dos animais. Outra importante consideração, de acordo com WILLHAM (1972), é que, para características sujeitas à influência materna, como o que se verificou neste trabalho, a herdabilidade dos efeitos genéticos totais pode se tornar o principal determinante da resposta à seleção.

O comportamento das variâncias genéticas, residuais e das herdabilidades, parecem se adequar bem a cenários de possíveis manifestações de heterogeneidade de variâncias, segundo pressuposições discutidas por VISSCHER e HILL (1992), nas quais as variâncias genéticas aditivas e residuais mudam simultaneamente entre ambientes, de tal forma que as herdabilidades também são variáveis.

Não foram verificadas grandes diferenças entre os valores das correlações de Pearson e de Spearman calculadas entre os valores genéticos dos reprodutores obtidos em análises de característica única geral e em análises de múltiplas características com o peso nas diferentes classes (Tabela 2). Os valores de ambas não superaram a 0,88, e, segundo CREWS e FRANKE (1998), valores de correlações inferiores a 0,90 podem resultar em reordenamento significativo dos animais em avaliações genéticas. Assim, os reprodutores não seriam classificados de forma similar, mais especificamente, nas classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico, não concordando com afirmações de TORRES et al. (2000), que constataram correlações próximas à unidade.

Observa-se que a descon sideração da heterogeneidade de variâncias mostrou-se mais correlacionada com os valores genéticos preditos na classe de alto desvio-padrão, indicando que, na avaliação genética realizada em nível nacional, possivelmente seja maior a influência sobre os parâmetros genéticos, daqueles reprodutores com registros em rebanhos de maiores médias de produção.

CONCLUSÕES

Constatou-se a presença de heterogeneidade de variância genética direta, materna e residual entre as classes de desvios-padrão.

A tendência de animais com maior valor genético estarem associados a situações de maior variabilidade fenotípica, é uma indicação que esse fato pode também ser esperado em avaliações genéticas realizadas em nível nacional.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, C. V. 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., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D. et al. 1995. 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, 120p.
- BROTHERSTONE, S., HILL, W.G. 1986. Heterogeneity of variance amongst herds for milk production. *Animal Production*, 42(3):297-303.
- CARVALHEIRO, R., FRIES, L.A., ALBUQUERQUE, L.G. Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte: estudo de simulação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. Anais Viçosa: SBZ, 2000. p.233.
- CREWS Jr., D. H. FRANKE, D. E.. 1998 Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage brahman inheritance. *Journal of Animal Science*, 76(7): 1803-1809.
- HILL, W. G., EDWARDS, M. R., AHMED, M. K.A. et al. 1983. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Animal Production*, 36(1):59-68.
- POWELL, R. L., NORMAN, H. D., WEILAND, B. T.. 1983. Cow evaluation at different milk yields of herds. *Journal of Dairy Science*, 66(1): 148-154.
- TORRES, R.A., BERGMANN, J.A., COSTA, C.N., et al. 2000. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil. *R. Bras. Zootec.*, 29(4):1050-1059.

- VISON, W.E.. 1987. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. *J. Dairy Sci.*, 70(11):2450-2455.
- VISSCHER, P. M., HILL, W. G.. 1992 Heterogeneity of variance and dairy cattle breeding. *Animal Production*, 55:321-329.
- WILLHAM, R. L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding. III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *Journal of Animal Science*, 35(6): 1288-1293.

TABELA 1 - Variâncias aditiva direta (σ_a^2), materna (σ_m^2) e residual (σ_e^2); herdabilidades direta (h_a^2), materna (h_m^2) e dos efeitos genéticos totais (h_T^2), obtidas por análises de características múltiplas com os pesos a 120 e 240 dias de idade

Arquivos ¹	Classes	σ_a^2	σ_m^2	σ_e^2	h_a^2	h_m^2	h_T^2
Peso corrigido a 120 dias de idade							
I	Baixo	78,684	31,866	108,545	0,42	0,17	0,24
	Médio	93,093	42,236	157,269	0,36	0,16	0,25
II	Baixo	42,573	22,854	129,273	0,24	0,13	0,15
	Alto	97,513	33,304	264,696	0,25	0,09	0,24
III	Médio	73,508	46,809	169,209	0,29	0,18	0,17
	Alto	124,153	31,312	251,732	0,32	0,08	0,28
Peso corrigido a 240 dias de idade							
I	Baixo	182,608	98,980	444,638	0,28	0,15	0,18
	Médio	222,147	131,923	464,840	0,31	0,18	0,20
II	Baixo	132,445	104,298	470,481	0,21	0,16	0,13
	Alto	176,610	150,162	563,420	0,22	0,18	0,16
III	Médio	202,662	144,616	472,531	0,28	0,20	0,17
	Alto	217,807	150,151	543,655	0,26	0,18	0,19

¹ Arquivos I, II e III com registros de dados das classes de baixo e médio, baixo e alto, e, médio e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente.

TABELA 2 - Correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos (VG) dos reprodutores, obtidos a partir de análises de característica única geral e de análises de múltiplas características com os pesos nas classes de baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípico

Pesos	Correlações	VG no arquivo I ¹		VG no arquivo II		VG no arquivo III	
		Baixo	Médio	Baixo	Alto	Médio	Alto
Classes de desvio-padrão							
120 dias de idade	Pearson	0,75	0,80	0,78	0,86	0,86	0,88
	Spearman	0,76	0,78	0,77	0,86	0,86	0,88
240 dias de idade	Pearson	0,81	0,81	0,81	0,86	0,83	0,87
	Spearman	0,81	0,79	0,81	0,85	0,81	0,86

¹ Arquivos I, II e III com registros de dados das classes de baixo e médio, baixo e alto, e, médio e alto desvio-padrão fenotípico, respectivamente.