

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

ANÁLISE DA HETEROCEDASTICIDADE EM BUBALINOS
UTILIZANDO INFORMAÇÕES GENÔMICAS

Túlio José de Freitas Goes
Médico Veterinário

2014
UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ANÁLISE DA HETEROCEDASTICIDADE EM BUBALINOS
UTILIZANDO INFORMAÇÕES GENÔMICAS**

Túlio José de Freitas Goes
Orientador: Prof. Dr. Humberto Tonhati

**Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp,
Câmpus de Jaboticabal, como parte das
exigências para a obtenção do título de
Mestre em Genética e Melhoramento
Animal**

2014

Goes, Túlio José de Freitas
G598a Análise da Heterocedasticidade em bubalinos utilizando
informações genômicas / Túlio José de Freitas Goes. -- Jaboticabal,
2014
x, 30 f.; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2014
Orientador: Humberto Tonhati
Banca examinadora: Henrique Braga Nunes, Francisco Araujo
Neto
Bibliografia

1. Búfalos. 2. Genômica. 3. Heterocedasticidade. I. Título. II.
Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082.22:636.293.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

CAMPUS DE JABOTICABAL

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: ANÁLISE DA HETEROCEDASTICIDADE EM BUBALINOS UTILIZANDO
INFORMAÇÕES GENÔMICAS

AUTOR: TÚLIO JOSÉ DE FREITAS GOES

ORIENTADOR: Prof. Dr. HUMBERTO TONHATI

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:



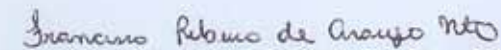
Prof. Dr. HUMBERTO TONHATI

Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA

Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Prof. Dr. FRANCISCO RIBEIRO DE ARAUJO NETO

Instituto Federal Goiano / Rio verde/GO

Data da realização: 14 de julho de 2014.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

TÚLIO JOSÉ DE FREITAS GOES- Nascido em 06 de agosto de 1987 na cidade do Rio de Janeiro-Brasil, filho de Waldir Sandoval Goes e Evelyn de Freitas Goes. Iniciou em fevereiro de 2006 o curso de graduação em Medicina Veterinária na Universidade do Grande Rio, obtendo o título de Médico Veterinário em julho de 2010. Em março de 2012 ingressou no programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, campus de Jaboticabal-SP, como bolsista da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, CAPES, obtendo o grau de mestre em 14 de julho de 2014, sob orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati.

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Evelyn e Waldir, por terem me apresentado todas as condições e oportunidades para buscar meu sonho, e alcançar meu objetivo, sempre fazendo do possível para a realização do mesmo.

Ao Prof. Dr. Humberto Tonhati, por ter me fornecido a oportunidade de estudar sob sua tutela, me orientando e sempre disponível para meu auxílio, e por sua amizade e apoio durante este trajeto.

À Profa. Fabiana Knackfuss, por ter sido parte essencial da minha graduação, fornecendo sempre oportunidades e ajuda sempre que precisei, e por ter me apresentado a matéria pela qual me apaixonei.

À minha companheira e amiga, Gabriela, por ter me ajudado com seu apoio e seu carinho, sempre estando ao meu lado quando precisei, e por seu amor.

Aos Dr.s Francisco Araujo e Raul Borquis, pois além de amigos durante esse percurso, também me auxiliaram no desenvolvimento do meu projeto e minha dissertação.

Aos colegas de departamento, por terem não apenas sido amigos e companheiros durante meu trajeto, mas também auxiliando nos estudos, resumos, artigos, contribuindo para minha formação profissional.

À UNESP e a CAPES, por terem me fornecido as condições para meu estudo, e o apoio financeiro necessário para o mesmo.

SUMÁRIO

RESUMO.....	2
ABSTRACT	4
LISTA DE TABELAS E FIGURAS	5
CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais	7
1.1 Aspectos Gerais da Bubalinocultura	8
1.2 Seleção Genômica	9
1.3 Heterogeneidade de Variâncias	10
REFERÊNCIAS.....	13
CAPÍTULO 2 – ANÁLISE DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS EM BUBALINOS UTILIZANDO INFORMAÇÕES GENÔMICAS	16
Resumo	16
Abstract	17
Introdução	18
Material e Métodos.....	19
Resultados e Discussão	23
1. Produção de Leite	23
2. Produção de Gordura	27
3. Produção de Proteína	29
4. Valores Genéticos	31
Conclusões.....	32
REFERÊNCIAS.....	34

ANÁLISE DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS RESIDUAL EM BUBALINOS NO ESTADO DE SÃO PAULO UTILIZANDO INFORMAÇÕES GENÔMICAS

RESUMO- É de extrema importância saber a natureza das variâncias e como essas afetam as características produtivas e estimativas. Foram utilizadas aproximadamente 3500 búfalas em lactação, predominantemente da raça Murrah, genotipadas através do chip “Illumina Infinium bovine HD bead Chip” , obtidos do banco de dados do campus de Jaboticabal da UNESP, para se avaliar a produção de leite acumulada aos 305 dias(PL), produção de proteína(PPRO) e produção de gordura(PGOR) nestes animais, estimando-se parâmetros de herdabilidade e variâncias. Foi utilizado um modelo misto com duas propostas distintas, uma tradicional e outra onde é considerada a heterogeneidade das variâncias, tanto aditiva quanto residual, dividindo os animais em dois grupos de acordo com o nível de produção. Dentro de ambos os modelos, foram utilizadas informações de genotipagem. As estimativas de herdabilidade foram moderadas e dentro do que se encontra na literatura para todos os modelos, entretanto nos modelos onde se considera a heterogeneidade das variâncias foram encontradas diferentes estimativas. As herdabilidades encontradas para os modelos tradicionais foram de 0,22(sem genômica) e 0,23(com genômica) para PL, 0,32(sem genômica) e 0,30(com genômica) para PGOR e 0,27(sem genômica) e 0,34(com genômica) para PPRO. Ao se considerar heterogeneidade residual, as herdabilidades para os níveis alto e baixo de produção foram, respectivamente: 0,28 e 0,17 para PL, 0,28 e 0,35 para PGOR e 0,30 e 0,42 para PPRO. Quando também se considerou a heterogeneidade aditiva, as herdabilidades para os níveis alto e baixo de produção, respectivamente, foram de: 0,38 e 0,25 para PL, 0,29 e 0,31 para PGOR e 0,33 e 0,37 para PPRO. Os resultados demonstraram que ao se considerar a heterogeneidade de variâncias, seja aditiva ou residual, existe efeito para se obter resultados distintos nas estimativas..

Palavras-Chave: Bufálos, Genômica, Herdabilidade, Produção de Leite, Produção de Proteína, Produção de Gordura, Heterocedasticidade

VARIANCE HETEROGENITY ANALYSIS IN BUFALLOES USING GENOMIC INFORMATION

ABSTRACT-Is extreme important knowing the variability natures and how those affect production characteristics and population estimations like heritability and correlations. It was used in this research proximally 3500 buffaloes in lactation, most being murrah, genotyped with IlluminaInfiniumbovineHDbeadChip, taken from the database of Jaboticabal Campus, UNESP for the evaluation of milk yield at 305 days(MY), protein yield(PY) and fat yield(F), estimating heritability and variances effects on it. It was used a mixed model with two different approaches, one where doesn't account the heterogeneity of variances, and another where is accounted these variances, both residual and additive, splitting the animals in two groups for production levels. In both models were included genomic informations. And by replacing the relationship matrix with matrix H, including genomic informations, the same results were studied but in models accounting genomic information. The heritability found, all of them, were moderate and between the intervals estimated in other studies. However in the models where different variances are in consideration, were found different heritabilities for all characteristics. For the tradicional models the heritabilities found, without and with genomic information, were: 0.22 and 0.23 for MY, 0.32 and 0.30 for FY and 0.27 and 0.34 for PY. When take in account only the residual heterogeneity, the heritability for high and low level of production, were: 0.28 and 0.17 for MY, 0.28 and 0.35 for FY and 0.30 and 0.42 for PY. When the additive heterogeneity was also taken in account, the heritabilities for high and low level of production were: 0.28 and 0.17 for MY, 0.29 and 0.31 for FY and 0.33 and 0.37 for PY. By the results of this studies is possible to concluded that taking in account the different variances, it's possible to obtain different estimates.

Key-Words: Buffaloes, Genomic, heritability, Milk Yield, Protein Yield, Fat Yield, Heterocedasticity

LISTA DE TABELAS

Tabela 01: Média e Desvio Padrão (DP) para Produção de Leite (PL), Produção de Gordura (PGOR) e Produção de Proteína (PPRO) em KG para os modelos heterogêneo (modHet), nível de produção alto e baixo, e homogêneo (modHom). ..	23
Tabela 02: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de leite (KG) no modelo tradicional sem informações genômicas	23
Tabela 3: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de leite (KG) no modelo tradicional com informações genômicas (Modelo Trad-Genômica)	24
Tabela 04: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para os dois níveis de produção (AP-Alto e BP-Baixo) para produção de leite (KG) ..	24
Tabela 05: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para a variância aditiva (σ^2a) em alta produção, covariância aditiva (Cov-a), variância aditiva (σ^2a) para baixa produção, de ambiente permanente (σ^2p) para alta produção, covariância do ambiente permanente (Cov-p), de ambiente permanente (σ^2p) para baixa produção, variância residual (σ^2r) para alta e baixa produção, herdabilidade (h^2) para alta e baixa produção, e correlação aditiva para produção de leite (KG) no modelo com heterogeneidade aditiva e residual (Modelo Multi) com informações genômicas	24
Tabela 06: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de gordura (KG) no modelo tradicional sem informações genômicas	27
Tabela 7: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de gordura (KG) no modelo tradicional com informações genômicas (Modelo Trad-Genômica)	27
Tabela 08: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para os dois níveis de produção (AP-Alto e BP-Baixo) para produção de gordura (KG) no modelo com heterocedasticidade e informações genômicas (Modelo Het-Residual)	27
Tabela 9: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para a variância aditiva (σ^2a) em alta produção, covariância aditiva (Cov-a), variância aditiva (σ^2a) para baixa produção, variância de ambiente permanente (σ^2p) para alta produção, covariância do ambiente permanente (Cov-p), variância de ambiente permanente (σ^2p) para baixa produção, variância residual (σ^2r) para alta e baixa produção, herdabilidade (h^2) para alta e baixa produção, e correlação aditiva para produção de gordura (KG) no modelo com heterogeneidade aditiva e residual (Modelo Multi) com informações genômicas	28

Tabela 10:Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_p) e residual (σ^2_r) e a herdabilidade (h^2) para produção de proteína (KG) no modelo tradicional sem informações genômicas	29
Tabela 11:Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_p) e residual (σ^2_r) e a herdabilidade (h^2) para produção de proteína (KG) no modelo tradicional com informações genômicas (Modelo Trad-Genômica)	29
Tabela 12: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_p) e residual (σ^2_r) e a herdabilidade (h^2) para os dois níveis de produção(AP-Alto e BP-Baixo) para produção de proteína (KG) no modelo com heterocedasticidade (Modelo Het-Residual) e informações genômicas	30
Tabela 13: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para a variância aditiva(σ^2_a) em alta produção, covariância aditiva (Cov-a), variância aditiva (σ^2_a) para baixa produção, variância de ambiente permanente (σ^2_p) para alta produção, covariância do ambiente permanente (Cov-p), variância de ambiente permanente (σ^2_p) para baixa produção, variância residual (σ^2_r) para alta e baixa produção, herdabilidade (h^2) para alta e baixa produção, e correlação aditiva para produção de proteína (KG) no modelo com heterogeneidade aditiva e residual (Modelo Multi) com informações genômicas	30
Tabela 14: Correlação entre os valores genéticos entre os modelos tradicionais (TRAD), Tradicionais com genômica (TRADG), com Heterogeneidade Residual (UNI) e com Heterogeneidade Aditiva e Residual para alto nível de produção (MULTI1) e baixo nível de produção (MULTI2) para produção de leite.....	31
Tabela 15: Correlação entre os valores genéticos entre os modelos tradicionais (TRAD), Tradicionais com genômica (TRADG), com Heterogeneidade Residual (UNI) e com Heterogeneidade Aditiva e Residual para alto nível de produção (MULTI1) e baixo nível de produção (MULTI2) para produção de gordura	32
Tabela 16: Correlação entre os valores genéticos entre os modelos tradicionais (TRAD), Tradicionais com genômica (TRADG), com Heterogeneidade Residual (UNI) e com Heterogeneidade Aditiva e Residual para alto nível de produção (MULTI1) e baixo nível de produção (MULTI2) para produção de proteína	32

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

Introdução

A bubalinocultura vem se destacando na produção mundial devido sua versatilidade de serviços, podendo ser utilizado para leite, carne ou até mesmo tração. A soma dessa capacidade com a rusticidade da espécie tem adquirido cada vez mais relevância e importância na cadeia produtiva. Por isso a criação destes animais é realizada predominantemente por países pouco desenvolvidos ou tropicais, com a Ásia e a América do Sul sendo os grandes destaques.

Porém, uma cadeia produtiva se sobressai nos bubalinos: a produção de leite. Esta adquire uma grande importância em âmbito mundial, não pelo produto *in natura*, mas sim por um derivado, o queijo *mozzarella*. A muçarela de búfala, considerada uma iguaria em grande parte do mundo, tem grande importância para países sul americanos, mas também em um país europeu em particular, a Itália, conhecidamente grande produtora de búfalos para a produção exclusiva do queijo. Por isso, diversos estudos buscam cada vez mais avaliar a produção de leite em bubalinos, as médias de produção, e o quanto da variância dessa característica em particular se deve a efeitos genéticos.

As avaliações genéticas tradicionais consideram os rebanhos de forma conjunta, com diferentes médias e mesma variância, entretanto diversas pesquisas demonstraram que as variâncias presentes dentro e entre rebanhos são existentes, muitas vezes devido aos diferentes grupos de contemporâneos existentes em um mesmo rebanho.

Com o avanço nas pesquisas de melhoramento genético, foi desenvolvida a tecnologia da seleção genômica, voltada para selecionar os melhores animais baseado em seu genótipo, e não apenas pelo fenótipo como é atualmente realizado. Pela genômica, tem se obtido valores genéticos mais acurados, assim como resultados mais rápidos em avaliações de animais. Entretanto, por ser uma tecnologia recente, ainda existem algumas limitações. Uma destas é a restrição de chips de genotipagem à algumas espécies. Em bubalinos, o mesmo ainda não se encontra presente no mercado, sendo utilizado o chip para bovinos devido ambas as

espécies serem da mesma família Bovidae, Apesar da menor eficácia do chip bovino em bubalinos, estes ainda produzem resultados de relevância e interesse.

O objetivo deste estudo foi associar as pesquisas de heterogeneidade de variâncias com a inclusão das informações genômicas para Produção de Leite, produção de gordura e produção de proteína. características que afetam direta e indiretamente a quantidade e qualidade de muçarela produzida.

Revisão de Literatura

1.1 Aspectos Gerais da Bubalinocultura

O búfalo doméstico (*Bubalus bubalis*) é uma espécie de ruminante que se caracteriza por fácil manejo e docilidade. A Associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB), criada em 1961, divide estes em quatro raças: Carabao, Jafarabadi, Mediterrâneo e Murrah.

De acordo com o FAOSTAT (2012) a população mundial de búfalos é estimada em 195 milhões de cabeças, com o continente asiático ainda como maior produtor da espécie (97%), concentrando cerca de 185 milhões desses animais. Em 2011 e 2012 foi estimada que a quantidade de bubalinos no Brasil foi de 1,2 milhões de cabeças, com a região norte sendo ainda a com maior produção desses animais, seguida da região sudeste (IBGE, 2014).

Grandes estímulos para a criação de búfalo é a sua dupla aptidão, animais tanto para produção de carne como para leite, e o produto especializado derivado de seu leite, a muçarela(OLIVEIRA, 2005). A produção de leite de bubalinos ainda é um dos principais objetivos da bubalinocultura. O continente Asiático é responsável por 96% da produção de leite bubalino. Na Índia e Paquistão, mais de 50% do leite total produzido, é constituído pelo de búfalos. A bubalinocultura leiteira só começou a crescer no Brasil após a década de 90, pois até então o leite de búfala era comercializado junto com o de bovinos, não havendo diferenciação de preço. Hoje, diversos estados possuem indústrias que processam exclusivamente o leite de búfala. O leite bubalino é mais produtivo na fabricação de derivados quando comparado com o leite bovino, devido aos maiores teores de proteína, gordura e minerais (FARIA et al., 2002).

Em 2010, a produção mundial de leite bubalino alcançou 95 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2012). No Brasil, a média de produção de leite por lactação

dos búfalos é de 1583,7 litros, com média diária de 7,3 litros. Aspicuelta et al. (2010) relatou valores médios de produção de 18143 Kg em bubalinos..

Na maioria das propriedades bubalinas é adotado um sistema de criação extensivo, havendo falta de controle zootécnico, em a maioria não havendo conhecimento dos parâmetros genéticos, produtivos ou reprodutivos (TONHATI, 1997; AGUDELO, 2008).

1.2 Seleção Genômica

A seleção e o melhoramento genético obtido em diversas espécies animais, incluindo os bubalinos, tradicionalmente utiliza informações de valores fenotípicos e pedigree para predizer os méritos genéticos dos animais. Entretanto, como muitas características de interesse econômico são controladas por diversos genes de pouco efeito, a seleção apenas por fenótipo e pedigree possui suas limitações em estimar os valores genéticos dos animais (BOICHARD et al., 2006).

Atualmente, um método mais preciso para estimar os valores genéticos e a similaridade entre animais, seria a utilização de marcadores genéticos em diversos locos espalhados pelo genoma ao invés de apenas as informações de pedigree. Essa seleção utilizando a informação de diversos marcadores genéticos para várias características é a seleção genômica (VANRADEM, 2008).

Uma das maiores dificuldades é a incorporação, nos programas de avaliação genética, dos dados proveniente dos marcadores moleculares em conjunto com a informação dos poligenes, visando a predição dos valores genéticos por meio do BLUP (Melhor Preditor Linear não Viesado) para as características de importância econômica (DEKKERS, 2004).

Os fundamentos da seleção genômica, também chamada de seleção genômica ampla (GWS), são os marcadores moleculares SNP's (polimorfismo de um único nucleotídeo). A GWS utiliza associação entre SNP's em todo o genoma com os fenótipos, levando em conta o desequilíbrio de ligação entre marcadores e QTL's proximamente ligados. Essa seleção é considerada ampla, pois todo o genoma é estudado, avaliando-se os genes que atuam em características quantitativas. Sua principal diferença em relação aos métodos tradicionais, é que enquanto estes utilizam informações fenotípicas para influenciar o genótipo, a GWS utiliza o genótipo para influenciar o fenótipo (RESENDE et al., 2008).

Os requerimentos para se avaliar e aplicar seleção genômica são consideravelmente simples. Devem-se haver três populações distintas de animais. A primeira, também chamada de população descoberta, se trata de uma base dados suficientemente grande, com uma quantidade moderada de animais com muitas informações de SNP's, que possuem fenótipos para todas as características a serem avaliadas. É elaborada uma equação de predição para cada característica desejada, que usa marcadores como input e que irá predizer os valores de mérito genético desses dados. A segunda população, também chamada de população de validação, se trata de uma grande quantidade de animais (podendo ser menor do que a população anterior), que devem possuir informações para as características e marcadores a serem utilizados. A equação de predição é testada para se estimar sua acurácia nesta amostra populacional, estimando-se os valores genéticos pela própria equação e comparando seus resultados com os valores fenotípicos observados nessa população. Finalmente, a ultima população, chamada de população de seleção, são os animais que deseja-se selecionar, sendo apenas genotipados, e com base na equação e nas informações obtidas da primeira população, seus méritos genéticos serão estimados, porém com a acurácia obtida na população de validação. Uma importante característica da população de seleção é a ausência de necessidade das informações fenotípicas para a mesma ser avaliada (GODDARD; HEYES, 2007).

Quando avaliamos praticamente os animais de produção, é improvável que toda uma população de animais seja genotipada. Uma das metodologias para solucionar esse problema, seria o SS-BLUP (*Single Step BLUP*). Este método proposto por Mizstal (2009) visa combinar a matriz de parentesco (A) com a matriz genômica (G) em uma única matriz, a H. Esse método, além de eliminar diversas considerações e parâmetros, também resulta em valores genéticos mais acurados. As maiores vantagens obtidas por esse método são sua simplicidade e o processo automático ao se retirar informações de diversas fontes para os valores genéticos (AGUILAR et al., 2010).

1.3 Heterogeneidade de Variâncias

No melhoramento genético, a maneira ainda mais utilizada para se predizer os valores genéticos (com base em dados fenotípicos) é o BLUP sob modelo animal.

Entretanto, na maioria dos modelos utilizados, as variâncias são consideradas constantes, homogêneas. Estudos como os de Hill et al. (1983), Brotherstone e Hill (1986), De Veer e Van Vleck (1987), Boldman & Freeman (1990) e Dong e Mao (1990) demonstraram que essa premissa não é verdadeira, e que características produtivas, assim como as de conformação, possuem variância heterogêneas, entre rebanhos, classes de rebanhos, ambientes, e outros tipos de efeitos fixos.

Diversos fatores causam a heterogeneidade das variâncias. Para o melhoramento, na maioria das vezes, comparações são realizadas entre animais criados em diferentes ambientes na escolha dos selecionados – essas diferenças como localização geográfica, manejos alimentares e sanitários, composição genética, e outros – causam diferenças não só nas médias, mas também nas variâncias entre os rebanhos. Outros fatores que também podem causar essa diferença em variabilidade são a diferença entre sexos, stress aos que os animais são submetidos e até mesmo escolhas preferenciais de determinados reprodutores ou inclusão de vacas de maior mérito genético no rebanho (SIROL, 2007).

Em avaliações genéticas de gado de leite, as variações podem ser afetadas por rebanho, tamanho do rebanho, tratamento hormonal, incidência de doenças, e pelas diferenças genéticas entre reprodutores. Dentro da heterogeneidade causada pelos reprodutores, as causas ainda podem ser subdivididas em consanguinidade, tratamento preferencial por certos reprodutores e presenças de genes de efeito maior. O tratamento preferencial dado a progênies de determinados reprodutores, não só afetarão a média, como também a variância entre grupos de touros.

Assumir a homogeneidade na dispersão dos dados, quando a mesma não ocorre, pode acarretar em grandes prejuízos na resposta a seleção. Quando a existência da heterogeneidade é ignorada, pode ocorrer predição viesada do valor genético, assim como redução no ganho genético do rebanho (MEUWISSEN, 1996).

Duas metodologias distintas podem ser aplicadas ao se constatar a heterogeneidade das variâncias. A primeira é uma transformação dos dados, ou de fatores de ajuste que visam eliminar heterogeneidade. A outra é a utilização de modelos que levem em consideração os efeitos da heterogeneidade, como modelos de características múltiplas, analisando adequadamente as observações de

variância em cada classe de heterogeneidade, considerando-se as estruturas das covariâncias (CARNEIRO et al., 2008).

Torres et al. (2000) constataram que a transformação de dados não corrigiu os efeitos da heterogeneidade entre as classes de desvio-padrão fenotípico. No modelo de características múltiplas, observaram correlações de ordem próximas da unidade entre valores genéticos. Seus resultados indicaram que os reprodutores seriam classificados da mesma maneira em ambos os métodos de análise. Contudo, Weigel et al. (2001), ao realizarem avaliação genética entre países com bovinos de leite, utilizando o modelo de características múltiplas, e considerando as medidas de lactações como características distintas, encontraram correlação genética alta, mesmo em país com diferentes sistemas de produção.

Para Carneiro et al. (2008), a predição de valores genéticos, utilizando o modelo de características múltiplas, não é eficiente para eliminar os efeitos negativos da heterogeneidade para média genética sobre a avaliação genética de touros, vacas e progênie.

REFERÊNCIAS

- AGUDELO, D.; CERÓN, M.; BETANCUR, F. Modelación de las funciones de crecimiento aplicadas a la producción animal. **Revista Colombiana de Ciências Pecuárias**. v.21 p.39-58. 2008.
- ASPILCUETA BORQUIS,R; ARAÚJO NETO ,FR ; BALDI,F; BIGNARDI,A.B; ALBUQUERQUE L.G; TONHATI , H.Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference . **Journal of Dairy Science**, v.93, p. 2195–2201, 2010
- AGUILAR, I.; MISZTAL,I.;JOHNSON,D.L.;LEGARRA,A.;TSURUTA,S.;LAWLOR,T.J. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**. V.93 p743-752. 2010
- BOICHARD, D.; FRITZ, S.; ROSSIGNOL, M.N.; GUILAUME, F.; COLLEAU, J.J.; DRUET, T. Implementation of marker assisted selection: practical lessons from dairy cattle. **8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, Belo Horizonte, MG, Brasil, 2006
- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for Heterogeneityh of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**,v.73, n.2, p.503-512, 1990.
- BROTHERSTONE, S.; HILL, W.G. Heterogeneity of variance amongst herd for milk production. **Animal Production**, v.42, n.3, p.297-303, 1986.
- CARNEIRO, A.P.S.;TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; EUCLYDES, R.F.;CARNEIRO, P.L.S.; SILVA, F.F.E. Heterogeneidade e avaliação genética em bovinos, estudos utilizando dados simulados. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v.30, p.113-119, 2008.
- CHEN, C. Y., MISZTAL, I., AGUILAR, I., LEGARRA, A. & MUIR, W. M. (2011). Effect of different genomic relationship matrices on accuracy and scale. **Journal Animal Science**, v.89, p.2673-2679. 2011.
- CHRISTENSEN, O.; LUND, M. Genomic prediction when some animals are not genotyped. **Genetics Selection Evolution**, v.42. 2. 2010.
- DEKKERS, J.C.M. Commercial application of marker and gene assisted selection in livestock: strategies and lessons. **Journal of Animal Science**, v.82, p.313-328, 2004.
- 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 an different levels of intra herd milk production variance ando of herd average. **Journal of Dairy Science**,v.73, n.3, p.843-851, 1990.

FARIA, M.H.; TONHATI, H.; CERON-MUÑOZ, M.F.; et al. Características físico-químicas do leite de búfalas ao longo da lactação. **Revista do Instituto de Laticínios “Cândido Tostes”**, v. 57, n. 324, p. 3-7, 2002.

GODDARD, M.E.;HAYES,B.J. Genomic Selection. **Journal of animal Breeding and Genetics**, v. 124, p.323-330, 2007.

HENDERSON, C. R. General flexibility of linear models for sire evaluation. **Journal Dairy Science**, v.57, n. 8, p. 963-72, 1974.

HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K.A.; THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at diferente levels and variability of production. **Animal Production**, v.36, n.1, p.59-68, 1983.

MEUWISSEN, T.H.E.; VAN DER WERF, J.H.J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. **Livest Prod Sci**, Amsterdam, v.33, p.31-41, 1993.

MISZTAL, I.; AGUILAR, I.; TSURUTA, S.; LEGARRA, A. 2011. **Using the BLUPF90 family of programs for genomics**. Disponível em <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/genomic-blupf90/>>. Acesso em: 26-06-2012.

MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree and genomic information. **Journal Dairy Science**, v.92, p.4648-4655. 2009.

OLIVEIRA, A.L. Búfalos: produção, qualidade de carcaça e de carne. Alguns aspectos quantitativos,qualitativos e nutricionais para promoção do melhoramento genético. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 29, n. 2, p. 122-134, 2005.

RESENDE, M.D.V; LOPES, P.S.; SILVA, R.L.; PIRES, I.E. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, V.56, p.63-78, 2008.

TONHATI, H. Melhoramento genético de Bubalinos para carne e leite. Cruz das Almas. In: **O búfalo no Brasil**. Escola de Agronomia, Universidade Federal da Bahia,1997, p.101-113.

TORRES, R.A.;BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA,C.S.; VALENT, J.; PENNA,V.M.; TORRES FILHO, R.A.; ARAÚJO,C.V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.4, p. 1050-1059, 2000

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal Dairy Science**, v.91, p.4414-4423. 2008.

WEIUGEL,KA et al. International genetic evaluation of dairy sires using a multiple-trait model with individual animal performance records. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, n.12, p. 2789-2795, 2001

CAPÍTULO 2 – ANÁLISE DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS EM BUBALINOS UTILIZANDO INFORMAÇÕES GENÔMICAS

Resumo

Foram utilizadas aproximadamente 2700 bufálas em lactação, predominantemente da raça Murrah, genotipadas através do chip “Illumina Infinium bovine HD bead Chip”, obtidos do banco de dados do campus de Jaboticabal da UNESP, para se avaliar a produção de leite acumulada aos 305 dias (PL), produção de proteína (PPRO) e produção de gordura (PGOR) nesses animais, estimando-se parâmetros de herdabilidade e variâncias. Foi utilizado um modelo misto com duas propostas distintas, uma tradicional e outra considerando a heterogeneidade das variâncias, tanto aditiva quanto residual, dividindo os animais em dois grupos de acordo com o nível de produção. Dentro de ambos os modelos, foram utilizadas informações de genotipagem. As herdabilidades encontradas nos modelos tradicionais foram de 0,22 (sem genômica) e 0,23 (com genômica) para PL, 0,32 (sem genômica) e 0,30 (com genômica) para PGOR e 0,27 (sem genômica) e 0,34 (com genômica) para PPRO. Ao se considerar heterogeneidade residual, as herdabilidades para os níveis alto e baixo de produção foram, respectivamente: 0,28 e 0,17 para PL, 0,28 e 0,35 para PGOR e 0,30 e 0,42 para PPRO. Quando também se considerou a heterogeneidade aditiva, as herdabilidades para os níveis alto e baixo de produção, respectivamente, foram de: 0,38 e 0,25 para PL, 0,29 e 0,31 para PGORD e 0,33 e 0,37 para PPRO. Conclui-se neste trabalho que considerar a heterogeneidade de variâncias dentro dos modelos, há efeitos significativos nas estimativas, e que a inclusão de informações genômicas ajuda à uma maior acurácia dos valores encontrados em cada modelo.

Palavras-Chave: Bufálos, Genômica, Herdabilidade, Produção de Leite, Produção de Proteína, Produção de Gordura

Abstract

It was used in this research proximally 2700 buffaloes in lactation, most being Murrah, genotyped with Illumina Infinium bovine HD bead Chip, taken from the database of Jaboticabal Campus, UNESP for the evaluation of milk yield at 305 days (MY), protein yield (PY) and fat yield (F), estimating heritability and variances effects on it. It was used a mixed model with two different approaches, one where it doesn't account the heterogeneity of variances, and another where those variances are taken in consideration, both residual and additive, splitting the animals in two groups for production levels. In both models genomic informations were included. In the traditional models, the heritabilities found, without and with genomic information, were: 0.22 and 0.23 for MY, 0.32 and 0.30 for FY and 0.27 and 0.34 for PY. When taken in account, only the residual heterogeneity, the heritability for high and low level of production, were: 0.28 and 0.17 for MY, 0.28 and 0.35 for FY and 0.30 and 0.42 for PY. When the additive heterogeneity was also taken in account, the heritabilities for high and low level of production were: 0.28 and 0.17 for MY, 0.29 and 0.31 for FY and 0.33 and 0.37 for PY. In this research, it was concluded that, when taken in account, the heterogeneity of variances have important effects on the estimatatives. for each model, and that the inclusion of genomic information can have a positive effects on the accuracy of the values found.

Key-Words: Buffaloes, Genomic, heritability, Milk Yield, Protein Yield, Fat Yield

Introdução

Para Carneiro et al. (2008), a predição de valores genéticos utilizando o modelo de características múltiplas não é eficiente para eliminar os efeitos negativos da heterogeneidade para média genética sobre a avaliação genética de touros, vacas e progênie.

Seus resultados demonstraram que grande parte da origem da heterogeneidade de variâncias entre as classes de desvio padrão são resultantes de fatores ambientais. Logo, quando se admitem variâncias constantes entre os rebanhos na avaliação genética, desconsiderando-se o nível de produção ou variância estimada entre rebanhos, pode-se ocorrer uma classificação errônea do mérito genético dos animais (ARAUJO et al., 2008).

Quando a heterogeneidade é causada por fatores ambientais, a avaliação genética pode estar mais sob influência do ambiente no qual são criados do que de seu potencial genético. A heterocedasticidade nas avaliações das fêmeas é ainda mais relevante. Não a considerar provocaria o prevailecimento de fêmeas que produziram em rebanhos com elevada variância, ocorrendo o oposto em rebanhos com baixa variância (TORRES et al., 2000). Essas conclusões foram as mesmas obtidas por Araujo et al. (2008), que constatou que a produção de filhas de reprodutores em rebanhos mais variáveis, e conseqüentemente menos produtivos, influenciaram mais a avaliação dos reprodutores do que as produções de filhas criadas em rebanhos menos variáveis.

Ao se distribuir as filhas dos touros, aleatoriamente, entre rebanhos de baixa e alta variabilidade, espera-se que a ordem dos touros avaliados não seja alterada. Entretanto, a ordem das vacas ainda são passíveis de influência, podendo ocorrer superavaliação naquelas de rebanhos com alta variabilidade, e subestimação de fêmeas criadas nos rebanhos de maior produção e menor variação fenotípica (ARAUJO et al., 2008).

Vinson (1987), Torres et al. (2000) e Costa (2001), concluíram que apesar da heterocedasticidade não causar reclassificação em valores genéticos, é o melhor indicador da interação genótipo-ambiente em países tropicais, e apesar de não alterar as avaliações dos touros, tem grande influência na identificação de vacas elites e mães de futuros reprodutores.

Sabe-se que existe heterogeneidade de variâncias nos rebanhos leiteiros de bubalinos da raça Murrah, sendo esta predominantemente ambiental. Assim, conclui-se que os reprodutores bubalinos estão sendo selecionados em razão do ambiente mais variável em que suas progênies são criadas do que por seus méritos genéticos (ARAUJO et al., 2008).

O objetivo deste trabalho foi associar informações genômicas com os efeitos da heterogeneidade de variâncias e verificar seus efeitos nas estimativas de produção de leite, produção de proteína e produção de gordura.

Material e Métodos

O arquivo de dados utilizado nesta pesquisa utilizou informações de 12 fazendas controladas e cadastradas no programa de controle leiteiro de búfalos gerenciado pelo departamento de Zootecnia da FCAV-UNESP/Jaboticabal, SP, Brasil. Estas fazendas exploram com finalidade leiteira, rebanhos compostos predominantemente por animais da raça Murrah. Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por animais que pariram na mesma fazenda, ano e estação.

Após a eliminação de animais com idade à primeira lactação menor que aos 2 anos, ou maior que aos 5, foram utilizadas informações de produção do leite acumulada aos 305 dias, produção de gordura e produção de proteína, de aproximadamente 2700 búfalas de rebanhos participantes do programa de controle leiteiro de bubalinos, totalizando 5270 lactações.

Foram coletados pelos das caudas dos animais para a obtenção do DNA dos mesmos. Após realizada a extração do DNA, os animais foram genotipados através do chip Illumina Infinium bovine HD bead Chip que gera mais de 777.000 marcadores de polimorfismos de base única (SNPs) espalhados pelo genoma bovino. Entretanto, pouquíssimos SNP's para bubalinos foram identificados na literatura, e nenhum chip específico para bubalinos está atuante no mercado. Porém devido a ambos os animais pertencerem a mesma família (Bovidae), o chip para bovinos é utilizado para identificação dos SNP's, mas a quantidade de marcadores gerados cai para 16.500.

Para as análises nos modelos com heterogeneidade de variância, os animais foram separados em dois grupos, um de alta produção, e um de baixa produção. Após a divisão dos animais nestes grupos, foi realizado os testes de Levene e Bartlett para

verificar se havia diferença significativa entre as variâncias dos grupos para cada uma das características utilizada. Os testes foram positivos para produção de leite, gordura e proteína.

Análises estatísticas e definição de modelos

De uma forma generalizada o modelo utilizado nas análises genéticas pode ser representado como:

$$y = Xb + Za + e$$

onde y, b, a e e representam nesta ordem os vetores de observações, efeitos fixos, valores genéticos e resíduo; X e Z são, nesta ordem, matrizes de incidência que associam os vetores de efeitos fixos e aleatórios ao vetor de observações. Os efeitos fixos considerados são grupos de contemporâneos (fazenda-ano-estação de parto e número de ordenhas) e idade da vaca ao parto como covariável (linear e quadrática).

A estrutura geral das equações adequada para os modelos mistos apresentando anteriormente é representada por:

$$\begin{bmatrix} X'R_0^{-1}X & X'R_0^{-1}Z \\ Z'R_0^{-1}X & Z'R_0^{-1}Z + A^{-1} \otimes G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R_0^{-1}y \\ Z'R_0^{-1}y \end{bmatrix}$$

$$R_0 = I_r \otimes R$$

onde y, b e a são respectivamente , os vetores das informações, dos efeitos fixos e dos efeitos aleatórios aditivos; X e Z são as matrizes de incidência que relacionam os vetores b e a aos vetor de observações, nesta ordem; A*, I, G e R representam a matriz de parentesco entre os animais, matriz identidade com dimensões iguais aos número de registro, a matriz de (co)variância genéticas e dos resíduos, nesta ordem e; $\otimes$ é o produto direto. Para A* foi utilizada a forma de matriz de parentesco tradicional (**A**) ou pela combinação desta com a matriz de parentesco genômica (**H**). A fim de avaliar o efeito da heterogeneidade de variância sobre a estimação dos parâmetros, tendo em vista *n* características em *i* grupos ambientais, foram aplicados três modelos. O primeiro consiste na análise padrão, em que tanto os efeitos genéticos como os resíduos são modelados considerando homogeneidade

de variâncias, de forma que as matrizes de (co)variâncias para estes efeitos podem ser representadas como:

$$G = G_{nt} \qquad R = R_{nt}$$

onde, estas matrizes apresentam dimensões iguais ao número de características consideradas. O segundo modelo é caracterizado pela modelagem heterocedástica do resíduo para os ambientes, de forma que as matrizes de (co)variância são representadas:

$$G = G_{nt} \qquad R = \begin{bmatrix} R_{11} & 0 \\ 0 & R_{22} \end{bmatrix}$$

de forma que a matriz G apresenta-se estruturada como no modelo 1, enquanto a matriz de resíduos consiste em uma matriz bloco de dimensões $n \times i$.

Por fim, o modelo três considera heterogeneidade de variância para todos os efeitos aleatórios, em um modelo de análises multi-características:

$$G = \begin{bmatrix} G_{11} & G_{12} \\ G_{21} & G_{22} \end{bmatrix} \qquad R = \begin{bmatrix} R_{11} & 0 \\ 0 & R_{22} \end{bmatrix}$$

A estimação dos componentes de (co)variância foi realizada através de inferência bayesiana, utilizando o programa Gibbs3f90 (Misztal, 2012), no qual está implementado o amostrador de Gibbs e a possibilidade de utilização de matrizes de parentesco genômica. As estratégias de geração das cadeias de Gibbs foram definidas de acordo com a necessidade de convergência das distribuições posteriores. As estratégias de geração das cadeias de Gibbs foram definidas de acordo com a necessidade de convergência das distribuições posteriores e a análise de convergência pelo pacote CODA do programa R, por meio de inspeção gráfica e do teste de Heidelberg e Welch (1983).

Utilizando-se os testes anteriormente citados (Levene e Bartlett) e os intervalos de alta densidade (IAD95%) foi realizada a comparação entre as estimativas de variância em cada ambiente para todas as características, de forma a se verificar a existência de heterocedasticidade.

Correção da matriz de parentesco através de informações genômicas e o ssBLUP

Dentre as inúmeras metodologias proposta para a estimação dos valores genéticos genômicos, tem se tornado interessante a aplicação single-step BLUP (MISZTAL et al., 2009), que se fundamenta na combinação da matriz de parentesco tradicional (A), com as matrizes de parentesco genômica (G) para posterior utilização nas equações de modelos mistos. Além desta metodologia se apresentar rápida e acurada (AGUILAR et al., 2010), possibilita utilizar toda a informação disponível, inclusive de animais não genotipados. Assim, podemos obter a matriz H (LEGARRA et al., 2009):

$$\mathbf{H} = \mathbf{A} + \begin{bmatrix} \mathbf{A}_{12}\mathbf{A}_{22}^{-1} & 0 \\ 0 & \mathbf{I} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{I} \\ \mathbf{I} \end{bmatrix} [\mathbf{G} - \mathbf{A}_{22}] \begin{bmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{I} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{A}_{22}^{-1}\mathbf{A}_{21} & 0 \\ 0 & \mathbf{I} \end{bmatrix}$$

em que os coeficientes 1 e 2 referem a animais não-genotipados e genotipados, respectivamente. Aguilar et al. (2010) e Christensen e Lund (2010) propõem a obtenção da inversa da matriz H, utilizando-se de um procedimento simples onde:

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

onde $\mathbf{A}^{-1}$ pode ser obtida utilizando dos métodos definidos por Henderson (1974) e Quaas (1976) e; a matriz G pode ser obtida utilizando dos procedimentos descritos por Vanradem (2008).

Consistências dos dados

A organização e consistência do arquivo de dados para as análises foram realizadas utilizando o pacote estatístico SAS 9.1 (2003). Foi determinado uma cadeia com 1.000.000 de vetores, onde considerou-se um burn-in de 100.000 ciclos e a coleta de amostras a cada 50, resultando em 18.000 amostras para inferência. Para a análise de convergência, monitorou-se as cadeias através de trace-plots também utilizando-se o software R.

Resultados e Discussão

Tabela 01: Média e Desvio Padrão (DP) para Produção de Leite (PL), Produção de Gordura (PGOR) e Produção de Proteína (PPRO) em KG para os modelos heterogêneo (modHet), nível de produção alto e baixo, e homogêneo (modHom).

Parametros	modHet		modHom
	Alto	Baixo	
Média(KG) PL	1941,192	1397,297	1667,429
DP(KG) PL	500,118	443,106	544,929
Média(KG) PGOR	128,641	97,353	114,961
DP(KG) PGOR	33,023	25,938	33,883
Média(KG) PPRO	86,155	61,222	75,295
DP(KG) PPRO	20,197	16,994	22,553

As médias estimadas para Produção de Leite em cada um dos grupos estão próximas das médias encontradas na literatura em estudos de animais brasileiros. Na Itália, Rosati e Van Vleck (1998) encontraram estimativa média de produção de 2286 KG para leite, 104,7 Kg para proteína, e 196,9 Kg para gordura, estimativas essas superiores às encontradas neste trabalho. Possivelmente essas diferenças são devido ao melhoramento mais intenso realizado nesta espécie na Itália. No Brasil, Tonhati et al. (2000) estimou médias para produção de leite de 1259 Kg, enquanto pesquisas mais recentes como a de Aspicuelta et al. (2010c) estimou médias de 1814 Kg para leite, 119,26 Kg para gordura e 77,38 Kg para proteína. Esses valores correspondem aos encontrados nesta pesquisa. Outros trabalhos como o de Trivini et al. (2001) estimaram produção média de 1627 Kg de leite, também próximo da média encontrada nos animais utilizados neste trabalho.

1. Produção de Leite

Tabela 02: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_p) e residual (σ^2_r) e a herdabilidade (h^2) para produção de leite (KG) no modelo tradicional sem informações genômicas

parâmetros	Análise Tradicional		
	Média	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2_a	51694,62	34150,00	69800,00
σ^2_p	64070,74	49220,00	78820,00
σ^2_r	122936,10	116200,00	129500,00
h^2	0,22	0,15	0,28

Tabela 3: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de leite (KG) no modelo tradicional com informações genômicas (Modelo Trad-Genômica)

Modelo Trad- Genômica			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	54415,19	36180,00	72830,00
σ^2p	62681,57	47360,00	77200,00
σ^2r	122997,70	116300,00	129600,00
h^2	0,23	0,16	0,30

Tabela 04: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para os dois níveis de produção (AP-Alto e BP-Baixo) para produção de leite (KG)

Modelo Het-Residual			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	53331,30	35830,0	71910,0
σ^2p	62151,19	48070,0	77360,0
σ^2r -AP	138409,50	128200,0	148100,0
σ^2r -BP	105589,0	96900,0	114200,0
h^2 -AP	0,28	0,19	0,37
h^2 -BP	0,17	0,08	0,26

Tabela 05: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para a variância aditiva (σ^2a) em alta produção, covariância aditiva (Cov-a), variância aditiva (σ^2a) para baixa produção, de ambiente permanente (σ^2p) para alta produção, covariância do ambiente permanente (Cov-p), de ambiente permanente (σ^2p) para baixa produção, variância residual (σ^2r) para alta e baixa produção, herdabilidade (h^2) para alta e baixa produção, e correlação aditiva para produção de leite (KG) no modelo com heterogeneidade aditiva e residual (Modelo Multi) com informações genômicas

Modelo Multi			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a -AP	76952,57	50210,0	104300,0
Cov-a	49312,27	29970,0	68360,0
σ^2a -BP	35781,83	16340,0	55020,0
σ^2p -AP	66600,82	45740,0	88130,0
Cov-p	59231,47	43240,0	75330,0
σ^2p -BP	59262,87	40570,0	77560,0
σ^2r -AP	128485,30	118600,0	138500,0
σ^2r -BP	110031,10	99470,0	120600,0
h^2 -AP	0,37	0,30	0,43
h^2 -BP	0,25	0,14	0,31
Corr-a	0,95	0,85	1,00

Para produção de leite, ao se incluir as informações genômicas (tabela 03) nos modelos tradicionais (tabela 02), houve um aumento nas médias e em ambos os limites do intervalo de alta densidade para a variância aditiva. Ao se considerar a heterocedasticidade (tabela 04), houve uma diminuição da variância aditiva em relação ao modelo tradicional com genômica, com os limites do intervalo de alta densidade muito próximos. Ao se considerar a heterogeneidade de variâncias, aditiva e residual, a variância aditiva para produção de leite (tabela 05) em ambos os níveis de produção, foram superiores as variações aditivas de ambos modelos tradicionais (tabelas 02 e 03), enquanto a variância aditiva no nível baixo de produção foi menor em ambos os modelos tradicionais. Quando comparados os dois modelos com heterogeneidade, as variâncias aditivas para produção de leite foram superiores no modelo multi-característica no nível de alta produção (tabela 05), e inferior no mesmo modelo para o nível de baixa produção. Quando comparadas as estimativas de variância aditiva entre todos os modelos, as maiores estimativas foram encontrada no modelo multi-característica para alto nível de produção, e as menores no mesmo modelo, mas para baixo nível de produção. Uma característica no modelo multi, foi a sobreposição discreta nos limites de alta densidade. O limite inferior do nível de alta produção foi muito próximo ao limite superior do nível de baixa produção. Isso poderia indicar uma menor eficácia do modelo multi para a análise de dois grupos com variâncias distintas.

As variâncias residuais aumentaram, tanto na média quanto nos limites do intervalo de alta densidade, ao serem incluídas as informações genômicas, entretanto os aumentos foram mais discretos quando comparados com o das variâncias aditivas. O modelo com heterogeneidade residual estimou maiores variâncias residuais do que os modelos tradicionais no nível de alta produção, com os limite do intervalo de alta densidade também aumentando. O comportamento inverso foi verificado para o nível de baixa produção, a média da variância residual, e ambos os limites do intervalo, foram inferiores aos parâmetros das análises tradicionais. No modelo multi-característica, a variância residual se comportou da mesma maneira que a aditiva quando comparado aos modelos tradicionais, menores no modelo multi para baixo nível de produção, e maiores para o nível de alta produção. Quando comparados os modelos que consideram heterogeneidade, a menor variância residual foi no modelo

com apenas heterocedasticidade para baixo nível de produção (tabela 04), e a maior no mesmo modelo mas para o alto nível de produção. No modelo com apenas heterogeneidade de variâncias, não há sobreposição dos intervalos de alta densidade, com o limite inferior do nível de alta produção sendo maior que o limite superior do nível de baixa produção. Quando comparada a variância residual entre todos os modelos, a maior foi estimada no modelo com heterogeneidade apenas residual para alto nível de produção, e a menor no mesmo modelo, mas para baixo nível de produção. Entretanto no modelo de heterogeneidade aditiva e residual ocorreu o mesmo que na variância aditiva, uma sobreposição muito inferior nos limites de alta densidade. Isso poderia novamente indicar que nas análises com apenas heterogeneidade residual, a separação em baixo e alto nível de produção são melhor delimitadas do que no modelo multi-característica.

Esses resultados são os mesmos encontrados por Araujo et al (2008), e Torres et al (2000) para os dois níveis de produção. Eles constataram que com o aumento de classes de desvio padrão, também ocorria um aumento nas variâncias aditivas e residuais.

Com a inclusão de informações genômicas, as herdabilidades estimadas foram maiores. Entretanto, ao se incluir a heterogeneidade residual, as herdabilidades foram maiores no nível para alta produção, e menores no nível para baixa produção. Isso indicaria uma vantagem ao se analisar a natureza das variâncias, por diferentes grupos de animais apresentarem diferentes variâncias, e logo, obtendo-se diferentes estimativas de herdabilidade. Quando considerada a heterocedasticidade residual e aditiva, as herdabilidades em ambos os níveis de produção foram maiores do que as estimadas em todos os outros modelos, com a do baixo nível de produção se aproximando das análises tradicionais. Isso poderia indicar que ao se considerar a heterocedasticidade, os rebanhos onde existem animais com maiores produções se beneficiam nas análises.

Todos os resultados para herdabilidade estão dentro do intervalo estipulado por Cassiano et al (2004) em bubalinos, onde esta poderia variar de 0,12 à 0,38, e são próximos ou os mesmos aos encontrados por Kuralkar & Ratja (1996) de 0,25, Tonhati et al (2000) de 0,24, Ramos et al (2006) de 0,21, Malhado et al (2007) de 0,20, Tonhati et al (2008) de 0,28 e Aspicuelta et al (2010a) de 0,25. Entretanto,

todas as estimativas foram inferiores às encontradas por Araujo et al (2008), de 0,33 , 0,41 e 0,39.

Esses resultados demonstraram que para produção de leite, utilizar apenas a variância residual é o suficiente para resultados significativamente distintos dos modelos tradicionais, porém as diferenças obtidas nas estimativas ao se considerar também a heterogeneidade na variância aditiva podem valer análises mais profundas.

2. Produção de Gordura

Tabela 06:Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de gordura (KG) no modelo tradicional sem informações genômicas

Modelo Tradicional			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	118,24	59,86	179,70
σ^2p	67,91	23,28	114,40
σ^2r	179,58	162,30	197,70
h^2	0,32	0,18	0,47

Tabela 7:Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de gordura (KG) no modelo tradicional com informações genômicas (Modelo Trad-Genômica)

Modelo Trad- Genômica			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	291,97	152,80	436,70
σ^2p	181,80	66,92	289,50
σ^2r	488,40	440,70	535,80
h^2	0,30	0,17	0,43

Tabela 08: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para os dois níveis de produção (AP-Alto e BP-Baixo) para produção de gordura (KG) no modelo com heterocedasticidade e informações genômicas (Modelo Het-Residual)

Modelo Het-Residual			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	292,19	151,60	438,00
σ^2p	156,24	41,57	265,60
σ^2r -AP	597,54	525,90	672,60
σ^2r -BP	369,83	317,10	424,30
h^2 -AP	0,28	0,15	0,40
h^2 -BP	0,36	0,20	0,51

Tabela 9: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para a variância aditiva (σ^2_a) em alta produção, covariância aditiva (Cov-a), variância aditiva (σ^2_a) para baixa produção, variância de ambiente permanente (σ^2_p) para alta produção, covariância do ambiente permanente (Cov-p), variância de ambiente permanente (σ^2_p) para baixa produção, variância residual (σ^2_r) para alta e baixa produção, herdabilidade (h^2) para alta e baixa produção, e correlação aditiva para produção de gordura (KG) no modelo com heterogeneidade aditiva e residual (Modelo Multi) com informações genômicas

Parâmetros	Modelo Multi		
	media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2_a -AP	325,33	164,10	501,40
Cov-a	257,27	117,10	396,90
σ^2_a -BP	246,59	94,20	403,80
σ^2_p -AP	227,71	78,64	376,90
Cov-p	146,21	35,85	262,30
σ^2_p -BP	142,73	28,27	252,40
σ^2_r -AP	546,18	477,50	625,30
σ^2_r -BP	383,31	319,60	445,00
h^2 -AP	0,29	0,16	0,44
h^2 -BP	0,32	0,15	0,50
Corr-a	0,92	0,74	1,00

Para produção de gordura, a variância aditiva foi superior no modelo heterogêneo (tabela 08) do que ambos os modelos tradicionais (tabelas 06 e 07). Já no modelo multo, a variância aditiva foi superior no modelo heterogêneo no nível alto de produção (tabela 09), enquanto para o nível de baixa produção, a variância foi superior à do modelo tradicional (tabela 06), e inferior à do modelo tradicional com genômica (tabela 07). Entre todos os modelos, a variância aditiva foi maior no modelo multi para alto nível de produção (tabela 09), e menor no modelo tradicional sem genômica, e a segunda menor para o nível de baixa produção no modelo multi. Os intervalos de alta densidade no modelo multi para a variância aditiva não ficaram distantes, com o limite superior do nível de alta produção próximo do limite superior do alto do nível de baixa produção.

Quando comparados os modelos tradicionais com o modelo heterocedástico, a maior variância residual foi no modelo heterogêneo para alto nível de produção, enquanto no baixo nível de produção baixo foi superior apenas a do modelo tradicional sem genômica. A maior estimativa para a variância residual foi no nível de alta produção, no modelo com heterogeneidade residual (tabela 08), enquanto as

menores estimativas foram no modelo tradicional, e logo depois no modelo de heterocedasticidade para baixo nível de produção. Não houve sobreposição do intervalo de alta densidade para os níveis de produção nas variâncias residuais em nenhum dos modelos.

As herdabilidades para produção de gordura no modelo heterogêneo foram muito próximas ao do modelo tradicional, com a do baixo nível de produção sendo levemente superior, e o do alto nível de produção inferior. Já o modelo multi, estas foram mais próximas ao do modelo tradicional com genômica, e inferiores ao modelo tradicional sem genômica. Todas as herdabilidades estimadas foram superiores as encontradas na literatura por Aspícueta et al (2010a) de 0,13 à 0,22, Aspícueta et al (2010b) de 0,21, de Rosati e Van Vleck (2002) de 0,11, e Aspícueta et al (2007) de 0,23.

3. Produção de Proteína

Tabela 10: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de proteína (KG) no modelo tradicional sem informações genômicas

Modelo Tradicional			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	261,94	125,40	402,60
σ^2p	203,46	88,40	313,70
σ^2r	488,13	442,10	537,10
h^2	0,27	0,14	0,41

Tabela 11: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para produção de proteína (KG) no modelo tradicional com informações genômicas (Modelo Trad-Genômica)

Modelo Trad- Genômica			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	127,67	68,26	189,50
σ^2p	61,46	18,18	107,10
σ^2r	179,81	161,50	197,00
h^2	0,34	0,20	0,49

Tabela 12: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para as variâncias aditiva (σ^2a), de ambiente permanente (σ^2p) e residual (σ^2r) e a herdabilidade (h^2) para os dois níveis de produção (AP-Alto e BP-Baixo) para produção de proteína (KG) no modelo com heterocedasticidade (Modelo Het-Residual) e informações genômicas

Modelo Het-Residual			
Parâmetros	Media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a	124,75	67,46	183,50
σ^2p	46,60	5,57	87,25
σ^2r -AP	238,47	209,50	268,20
σ^2r -BP	119,90	102,70	137,60
h^2 -AP	0,30	0,17	0,43
h^2 -BP	0,43	0,25	0,59

Tabela 13: Média, Limite Inferior (Li-hpd) e limite superior (Ls-hpd) para a variância aditiva (σ^2a) em alta produção, covariância aditiva (Cov-a), variância aditiva (σ^2a) para baixa produção, variância de ambiente permanente (σ^2p) para alta produção, covariância do ambiente permanente (Cov-p), variância de ambiente permanente (σ^2p) para baixa produção, variância residual (σ^2r) para alta e baixa produção, herdabilidade (h^2) para alta e baixa produção, e correlação aditiva para produção de proteína (KG) no modelo com heterogeneidade aditiva e residual (Modelo Multi) com informações genômicas

Modelo Multi			
Parâmetros	media	Li-hpd	Ls-hpd
σ^2a -AP	142,27	71,17	225,50
Cov-a	109,13	54,00	169,40
σ^2a -BP	98,49	44,80	154,90
σ^2p -AP	78,97	11,02	139,00
Cov-p	46,52	-7,09	89,85
σ^2p -BP	40,92	6,75	78,49
σ^2r -AP	214,35	186,40	244,50
σ^2r -BP	126,84	106,40	147,40
h^2 -AP	0,32	0,17	0,49
h^2 -BP	0,37	0,19	0,54
Corr-a	0,93	0,77	1,00

A média da variância aditiva para produção de proteína no modelo heterocedastico (tabela 12) foi inferior a ambos os modelos tradicionais (tabelas 10 e 11). A maior variância aditiva foi no modelo tradicional sem genômica (tabela 10), com a variância do modelo multi para alto nível de produção sendo a segunda maior (tabela 13). A

variância no modelo multi para baixo nível de produção foi a menor variância aditiva estimada.

A variância residual para o nível de alta produção no modelo heterocedástico foi superior à do modelo tradicional, enquanto à do modelo de nível de baixa produção foi inferior. Quando comparada apenas com os modelos tradicionais, a menor variância residual foi no modelo multi para baixo nível de produção. Nesse mesmo modelo, mas para o alto nível de produção, a variância residual só foi menor que a do modelo tradicional.

As herdabilidades obtiveram as maiores estimativas no modelo de baixo nível de produção nos dois modelos com heterogeneidade de variâncias, sendo a maior no modelo heterocedástico (tabela 12). A menor estimativa foi no modelo tradicional (tabela 10), com as encontradas no modelo tradicional com genômica (tabela 11), e para alto nível de produção nos dois modelos com heterogeneidade (tabelas 12 e 13) sendo muito próximas. Assim como as herdabilidades para produção de gordura, as encontradas para produção de proteína foram superiores as encontradas por Aspícueta et al (2010a) de 0,16 à 0,23 e de Aspícueta et al (2010b) de 0,23, de Rosati e Van Vleck (2002) de 0,14, porém próximas das encontradas por Aspícueta et al (2007) de 0,33.

4. Valores Genéticos

Tabela 14: Correlação entre os valores genéticos entre os modelos tradicionais (TRAD), Tradicionais com genômica (TRADG), com Heterogeneidade Residual (UNI) e com Heterogeneidade Aditiva e Residual para alto nível de produção (MULTI1) e baixo nível de produção (MULTI2) para produção de leite

LEITE	TRAD	TRADG	UNI	MULTI1	MULTI2
TRAD	1	0,989	0,987	0,979	0,984
TRADG	0,989	1	0,999	0,993	0,997
UNI	0,987	0,999	1	0,988	0,995
MULTI1	0,979	0,993	0,988	1	0,996
MULTI2	0,984	0,997	0,995	0,996	1

Tabela 15: Correlação entre os valores genéticos entre os modelos tradicionais (TRAD), Tradicionais com genômica (TRADG), com Heterogeneidade Residual (UNI) e com Heterogeneidade Aditiva e Residual para alto nível de produção (MULTI1) e baixo nível de produção (MULTI2) para produção de gordura

GORD	TRAD	TRADG	UNI	MULTI1	MULTI2
TRAD	1	0,972	0,966	0,968	0,956
TRADG	0,972	1	0,996	0,998	0,99
UNI	0,966	0,996	1	0,997	0,998
MULTI1	0,968	0,998	0,99	1	0,993
MULTI2	0,956	0,990	0,998	0,993	1

Tabela 16: Correlação entre os valores genéticos entre os modelos tradicionais (TRAD), Tradicionais com genômica (TRADG), com Heterogeneidade Residual (UNI) e com Heterogeneidade Aditiva e Residual para alto nível de produção (MULTI1) e baixo nível de produção (MULTI2) para produção de proteína

PROT	TRAD	TRADG	UNI	MULTI1	MULTI2
TRAD	1	0,975	0,964	0,966	0,955
TRADG	0,975	1	0,991	0,995	0,984
UNI	0,964	0,991	1	0,995	0,996
MULTI1	0,966	0,995	0,995	1	0,993
MULTI2	0,955	0,984	0,996	0,993	1

Pode-se verificar pelas tabelas 14, 15 e 16, que as maiores correlações foram as do modelo com apenas heterocedasticidade (UNI) para as três características. Entretanto, todas as correlações foram maiores que 90%, indicando uma boa correspondência dos valores genéticos em qualquer um dos modelos, e uma ausência de alteração no “rank” dos animais.

Conclusões

Os resultados demonstram que ao se considerar a heterogeneidade de variâncias, seja apenas residual, ou a residual e aditiva, os resultados obtidos nas variâncias e estimativas diferem de um nível de produção para o outro, assim como quando comparamos os níveis de produção com as análises tradicionais. Isso demonstra que rebanhos muito variáveis, podem não ter avaliações tão acuradas, exercendo uma maior influência nas estimativas do que o desejado. O estudo dentro de rebanhos com níveis de produção distintos, permitiriam elaborar estratégias de melhoramento também distintas, específicas para cada um dos grupos.

Também pode-se verificar que ao se considerar apenas a heterogeneidade das variâncias residuais, as estimativas já possuem efeitos significativos e consideráveis

para as três características que foram utilizadas. Ao se considerar também a heterogeneidade aditiva, apesar de algumas mudanças nos resultados para proteína e gordura, estes são de pouco efeito, ou podem ter resultados pouco confiáveis devido a sobreposição dos intervalos entre grupos.

Apesar das 3 características terem apresentando efeitos das variâncias heterogêneas, os maiores efeitos foram verificados na produção de leite, onde as estimativas dos níveis de alta e baixa produção foram distantes entre si, e distantes das estimativas do modelo tradicional.

Para os valores genéticos, poucos efeitos foram verificados em todas as características, com todas as correlações acima de 90%. Isso provavelmente se deve devido a quantidade ainda pequena de animais genotipados no banco de dados, e a maior parte desses animais serem fêmeas.

Mesmo com a pouca quantidade de animais genotipados, pode-se verificar que a inclusão dessas informações beneficiaram de maneira discreta as estimativas encontradas, e que utilizá-las em conjunto com outras informações, pode-se obter resultados ainda maiores. Isso demonstra a necessidade de se genotipar cada vez mais animais, para essas informações serem utilizadas em suas avaliações, e para aumentar a eficácia dos modelos utilizados.

REFERÊNCIAS

ASPILCUETA-BORQUIS,RR; TANAKA,A.; ALBUQUERQUE,L.; SESANA,R.; SENO,L.; BIGNARDI,A.; TONHATI,H. Genetic parameters estimates for milk, fat and protein yield analyzed by test day models for Murrah buffaloes in Brazil. **Italian Journal Of Animal Science**, v. 6, n.2, p. 368-371 , 2007

ASPILCUETA-BORQUIS,RR; BALDI,F; ALBUQUERQUE, L.G; TONHATI,H.Random regression models to estimate genetic parameters for fat and milk yield considering different residual variance structure. **9th World Bufallo Congress**. Argentina, 2010a

ASPILCUETA-BORQUIS,R; ARAÚJO NETO ,FR ; BALDI,F; BIGNARDI,A.B; ALBUQUERQUE L.G; TONHATI , H.Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference . **Journal of Dairy Science**, v.93, p. 2195–2201, 2010b

ASPILCUETA-BORQUIS,RR; DI PAOLO,R; ARAÚJO NETO ,FR;BALDI,F; DE CAMARGO, G.M.F. ; de ALBUQUERQUE L.G.; ZICARELLI, L.; TONHATI , H. Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and Bayesian inference analysis of their relationships. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.1636-1644, 2010c

ARAÚJO, C.V; CARDOSO, A.M.C; RAMOS, A.A; ARAÚJO, S.I; MARQUES, J.R.F; TOMAZINI, A.P.I; CHAVES, L.C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah, mediante inferência Bayesiana .**Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.9, n.3, p. 416-425, 2008

ARAÚJO NETO ,FR;. ASPILCUETA-BORQUIS,R; BALDI,F; TONHATI,H. Effect of residual variance heterocedasticity on milk yield and age at first calving genetic parameter estimates. **9th World Bufallo Congress**. Argentina, 2010

BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for Heterogeneityh of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**,v.73, n.2, p.503-512, 1990.

BROTHERSTONE, S.; HILL, W.G. Heterogeneity of variance amongst herd for milk production. **Animal Production**, v.42, n.3, p.297-303, 1986.

CARNEIRO, A.P.S.;TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; EUCLYDES, R.F.;CARNEIRO, P.L.S.; SILVA, F.F.E. Heterogeneidade e avaliação genética em bovinos, estudos utilizando dados simulados. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v.30, p.113-119, 2008.

CASSIANO, L.A.P; MARIANTE,A.S;McMANUS,C; MRQUES,J.R.F; COSTA,N.A. Parâmetros genéticos das características produtivas e reprodutivas de búfalos na Amazônia brasileira.**Pesquisa Agropecuária brasileira**., Brasília, v.39, n.5, p.451-457, maio 2004.

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 an different levels of intra herd milk production variance ando of herd average. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.3, p.843-851, 1990.

HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K.A.; THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at diferente levels and variability of production. **Animal Production**, v.36, n.1, p.59-68, 1983.

MALHADO, C.H.M; MALHADO,A.C.M; RAMOS,A.A; CARNEIRO,P.L.S; SIEWERDT,F; PALA,A. Genetic parameters by Bayesian inference for dual purpose Jaffarabadi buffaloes. **Archiv Tierzucht**, v.55, n.6, p.567-576, Dummerstorf, Germany.2007.

MEUWISSEN, T.H.E.; VAN DER WERF, J.H.J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. **Livest Prod Sci**, Amsterdam, v.33, p.31-41, 1993.

RAMOS,A.A; MALHADO,C.H.M; CARNEIRO,P.L.S; GONÇALVES,H.C;AZEVEDO,D.M.M.R. Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.41, n.8, p.1261-1267, 2006

ROSATI, A., VAN VLECK, L. D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and mozzarella cheese production in the italian river buffalo population. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, v.24, p.459-462, 1998.

ROSATI,A.; VAN VLECK,L.D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and mozzarella cheese production for the Italian river buffalo Bubalus bubalis population. **Livestock Production Science**, v.74, n.2, p.185-190, 2002

SIROL, M.L.F.G. Análise da heterogeneidade de variância em características de crescimento de bovinos da raça Nelore. **Tese(Doutorado em Zootecnia)**, Universidade Estadual Paulista,Botucatu, 2007, 127p.

TONHATI,H; MUÑOZ,M.F.C; OLIVEIRA,J.A.O; DUARTE, J.M.C; FURTADO,T.P; TSEIMAZIDE,S.P. Parâmetros Genéticos para a Produção de Leite, Gordura e Proteína em Bubalinos.**Revista Brasileira de Zootecnia.**, 29(6):2051-2056, 2000

TONHATI,H; VASCONCELLOS, F. B ; . G. ALBUQUERQUE, L.G. Genetic aspects of productive and reproductive traits in a Murrah buffalo herd in São Paulo, Brazil.**J. Anim. Breed. Genet.** v.117, p.331–336, 2000

TONHATI,H; MUÑOZ,M.F.C; DUARTE, J.M.C; REICHERT,R.H; OLIVEIRA, J.A; LIMA,A.L.F. Estimativas de fatores de correção para duração da lactação e de

parâmetros genéticos da produção de leite de búfalas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.56, n.2, p. 251-257, 2004

TONHATI,H; ARAÚJO NETO ,FR; ; BALDI,F; ASPILCUETA-BORQUIS,RR.Association study between milk traits and mozzarella yield using Bayesian inference. **9th World Buffalo Congress**. Argentina, 2010

TORRES, R.A.;BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA,C.S.; VALENT, J.; PENNA,V.M.; TORRES FILHO, R.A.; ARAÚJO,C.V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.4, p. 1050-1059, 2000

TRIVINI, D.; BHARAT, B; SANJEEV,K. Genetic parameters of first lactation performance traits in Murrah buffaloes. **Indian Journal of Animal Sciences**, v.71, n.4, p.394-395, 2001

WEIUGEL,KA et al. International genetic evaluation of dairy sires usind a multiple-trait model with individual animal performance records. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, n.12, p. 2789-2795, 2001