

Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah, mediante inferência Bayesiana

Genetic parameters and heterogeneity of variance to milk yield in Murrah breed for Bayesian inference

ARAÚJO, Cláudio Vieira de^{1*}; CARDOSO, Adriana Maciel de Castro²; RAMOS, Alcides de Amorim³; ARAÚJO, Simone Inoe⁴; MARQUES, José Ribamar Felipe⁵; TOMAZINI, Ana Paula Inoe⁶; CHAVES, Luciara Celi⁷

¹Doutor em Zootecnista, UFMT/IUNMAT, SINOP, Mato Grosso, Brasil.

²Mestre em Produção Animal, UFRA/ISPA, Belém, Pará, Brasil.

³Pós-Doctor em Ciências Biológicas, UNESP, Departamento de Produção Animal, São Paulo, Brasil.

⁴Doutora em Genética e Melhoramento, UFRA/ICA, Belém, Pará, Brasil.

⁵Pós-Doctor em Biologia Molecular, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, Brasil.

⁶Doutora em Medicina, UNIPAR, Medicina Veterinária, Umuarama, Paraná, Brasil.

⁷Mestre em Genética e Melhoramento, UFRA/ISPA, Belém, Pará, Brasil.

*Endereço para correspondência: araujocv@bol.com.br

RESUMO

Informações de 2061 registros de lactações de 532 fêmeas da raça Murrah, filhas de 44 reprodutores, com parições entre 1975 a 2001, foram utilizadas para se verificar a existência da heterogeneidade de variância para a produção de leite entre rebanhos e o seu impacto na classificação de reprodutores. O desvio padrão da produção de leite entre rebanhos foi utilizado para classificação dos rebanhos em níveis de alta e baixa variabilidade. Utilizou-se um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de rebanho-ano, estação de parição, efeitos aleatórios de animal, ambiente permanente e ambiente temporário. Foram estimados os componentes de variância, considerando os rebanhos como uma única amostra e assumindo a produção de leite em cada nível de produção como característica diferente. Médias e componentes de variância foram maiores para o nível de alta produção e as estimativas de herdabilidade foram de 0,39 em ambos os níveis para a produção de leite e 0,33 e 0,41 para os níveis de alto e baixo desvio padrão, respectivamente. A correlação genética entre os níveis foi igual a 0,58, caracterizando a presença de heterogeneidade de variância entre os rebanhos. Os reprodutores foram selecionados em razão do ambiente mais variável em que suas progênes são criadas, do que propriamente pelos seus próprios méritos genéticos.

Palavras-chave: avaliação genética, búfalos, melhoramento animal

SUMMARY

Data from 2061 lactations of 532 females of the Murrah breed, daughters of 44 sires, calving from 1975 to 2001 were used to evaluate the effects of heterogeneity at variance on sires genetic evaluation. The standard deviation of the milk yield was used to classify the herds among high and low variability levels. An animal model, used to estimate variance component, included the fixed effect of herds-year, season of calving, animal random effect, permanent and temporary environments. Variance components were estimated to milk yield in both levels, considering the milk yield in each production level as different trait. Estimatives of heritability were 0.39, in general analysis, and equal to 0.33 and 0.41 for milk yield in high and low levels, respectively. Genetic correlations between high and low production levels were 58. The sires were selected according to the environment most changeable where daughters are raised, and not properly for its genetic breeding.

Keywords : buffaloes, breeding animal, genetic evaluation

INTRODUÇÃO

O búfalo teve a sua formação nos continentes Asiático e Africano e se difundiu para praticamente todos os demais continentes. Segundo Malhado (2005), no Brasil, existem atualmente distribuídos, entre as unidades federativas, em torno de 2,8 milhões de exemplares dessa espécie.

O tamanho do rebanho nacional demonstra o interesse na exploração nacional do potencial leiteiro desses animais, que vêm rapidamente se difundindo em diversas regiões do país, particularmente, Norte, Sul, Sudeste, e, mais recentemente, no Nordeste, onde já se observam inúmeros rebanhos sob exploração leiteira, confirmando a tendência atual de considerá-los uma espécie de dupla aptidão.

As pesquisas com esses animais como produtores de leite vêm ganhando força, porém muitos estudos ainda são necessários. Por razões relacionadas à grande demanda de subprodutos obtidos com o leite de búfalas, é crescente o interesse por informações técnico-científicas sobre a espécie. Porém, comparadas a outras espécies, ainda são poucos os resultados de pesquisas com os bubalinos no Brasil, com finalidade de se explorar mais racionalmente o potencial para a produção de leite.

Como forma de melhorar o potencial zootécnico desses animais, o melhoramento genético é etapa fundamental, por meio da identificação de indivíduos com genótipos superiores, que, sob uso reprodutivo mais intenso, deixam um maior número de proles, promovendo o melhoramento da espécie. No entanto, a tarefa de identificação do genótipo do indivíduo por meio de seu fenótipo não é tarefa simples, pois, além da ação de fatores ambientais, existe também a ação gênica não aditiva. Assim, uma das formas mais seguras de predição do valor genético dos animais é por meio da avaliação genética, utilizando-se toda a informação

disponível nos indivíduos e em seus parentes.

O objetivo com esta pesquisa foi verificar a existência da heterogeneidade de variância entre rebanhos para a produção de leite em bubalinos e qual o impacto na classificação de reprodutores.

MATERIAL E MÉTODOS

Utilizaram-se 2061 registros de produção de leite referentes às produções de 532 fêmeas bubalinas da raça Murrah, filhas de 44 reprodutores, com lactações provenientes de rebanhos localizados nas regiões Norte, Nordeste e Sudeste, cujos partos ocorreram entre os anos de 1975 e 2001. Os registros foram provenientes do Programa de Melhoramento Genético dos Bubalinos (PROMEBUL, 2004), com a adição de registros provenientes do rebanho da EMBRAPA Amazônia Oriental -EAO, localizada em Belém, Pará.

Foram definidas classes de rebanho-ano de parto como critério de formação de grupos de contemporâneos, excluindo-se observações referentes às classes de rebanho-ano de parto com número de informações menor que dois. Foram eliminados reprodutores com menos de duas filhas e, também, eliminadas fêmeas com menos de duas lactações. Animais sem informação de ascendência, data de nascimento ou data de parição foram eliminados.

O número de classes rebanho-ano de parto foi igual a 57 e a idade da fêmea, ao parto, analisada variou de 24 a 192 meses de idade.

Com o objetivo de se verificar a presença de heterogeneidade de variâncias entre rebanhos, classificaram-se os rebanhos em duas classes de desvio padrão fenotípico para produção de leite, com base no número de registros de produção de leite. As classes de desvios padrão fenotípico foram dispostas da seguinte forma: 1) Baixo desvio-padrão: classe formada por

rebanhos que apresentavam desvios padrão fenotípicos inferiores a 750kg e 2. Alto desvio padrão: classe em que estão englobados todos os rebanhos com desvios padrão fenotípico iguais ou superiores a 750kg. Então, os dados foram analisados em duas situações. Na primeira, desconsideraram-se as classes de desvio padrão fenotípico, obtendo-se os componentes de variância e valores genéticos dos indivíduos para a produção de leite. Na segunda situação, os dados foram analisados, considerando-se a produção de leite em cada classe de desvio padrão fenotípico como características distintas, sendo obtidos componentes de (co) variâncias e valores genéticos em cada classe.

A análise geral que desconsidera as diferenças de variâncias entre as classes de desvios padrão fenotípico na obtenção dos componentes de variância, bem como dos valores genéticos dos animais, foi obtida por meio do seguinte modelo:

$$y = X \mathbf{b} + Z_a \mathbf{a} + Z_p \mathbf{p} + e,$$

Em que \mathbf{y} é um vetor $n \times 1$, de n observações de produção de leite; X é uma matriz $n \times f$, de incidência de f níveis dos efeitos fixos; \mathbf{b} é um vetor $f \times 1$, de efeitos fixos referentes às classes de rebanho-ano e época do parto; Z_a é uma matriz $n \times N_0$, de incidência dos valores genéticos; \mathbf{a} é um vetor $N_0 \times 1$, de valores genéticos dos animais; Z_p é uma matriz $n \times N$, de incidência dos efeitos permanentes de meio ambiente sobre os animais; \mathbf{p} é um vetor $N \times 1$, de valores referentes ao efeito permanente de meio ambiente sobre os animais; e é um vetor de resíduos da mesma dimensão de \mathbf{y} . Sendo: N_0 o número de animais incluídos na análise; N número de indivíduos com observação; n

número total de observações; f número de classes de efeitos fixos;

Assumiu-se distribuição condicional dos dados y , \mathbf{b} e \mathbf{a} , como sendo normal multivariada. Densidade *a priori* plana foi assumida para os elementos de \mathbf{b} , por refletir a falta de conhecimento sobre os parâmetros de locação de efeitos “fixos”. Para os valores genéticos, assumiram-se distribuições *a priori* normais multivariadas. Distribuições qui-quadrado invertidas foram assumidas para as variâncias genéticas aditivas (\mathbf{S}_a^2), ambiente permanente (\mathbf{S}_p^2) e ambiente temporário (\mathbf{S}_e^2):

A análise que considera cada classe de desvio padrão fenotípico como uma característica distinta, para obtenção de componentes de variância e valores genéticos dos reprodutores para produção de leite, levando-se em conta uma distribuição conjunta das características, considerou o seguinte modelo:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{a1} & 0 \\ 0 & Z_{a2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{p1} & 0 \\ 0 & Z_{p2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{p}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Em que y_1 = produção de leite na classe de alto desvio padrão fenotípico e y_2 = produção de leite na classe de baixo desvio padrão fenotípico. Em que os termos que representam a produção de leite em cada classe de desvio padrão são os mesmos descritos anteriormente no modelo de característica única. Para os componentes de (co) variâncias, foram assumidas distribuições *a priori* Wishart invertidas.

Todas as análises foram realizadas, utilizando-se o aplicativo MTGSAM (VAN TASSEL & VAN VLECK, 1996). Foram utilizados 100 rounds, no máximo, no processo de iterações de Gauss-Seidel, para iniciação da cadeia, com critério de convergência para a variância do simplex de 10^{-3} . Foram estipulados 200.000 rounds para o período de aquecimento (Burn In)

em um total de 1.200.000 rounds da cadeia completa, com intervalos de retiradas de amostras de 200 rounds.

Com a finalidade de observar se a presença de heterogeneidade de variância para a produção de leite poderia causar diferenças no ordenamento dos melhores animais com base em seus valores genéticos, os valores genéticos, em análise geral e em cada classe de desvio padrão fenotípico, foram organizados em arquivos e, posteriormente, quantificada a correlação de Spearman.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias observadas, desvios padrão, os coeficientes de variação e o número de lactações, para produção de leite, em cada classe de desvio padrão fenotípico e em análise geral, são apresentados na Tabela 1.

As produções de leite médias nas classes de alto e baixo desvio padrão apresentaram valores próximos da produção de leite média na análise geral, sendo que essa última é uma média dos valores de cada classe ponderada pelo número de observações em cada classe. A classe de menor desvio padrão fenotípico apresentou menor coeficiente de variação, refletindo maior uniformidade das produções de animais nesse extrato.

Estudos realizados na Índia relataram médias de produção de leite variando de 1131,00kg (BASU & GHAI, 1978) a 2544,58kg (MATHUR & MATHUR, 1992), para animais de diferentes raças. Trivini et al. (2001) observaram, em registros de 1164 animais da raça Murrah, produção média de 1627 ± 24 kg, enquanto que, na Itália, Rosati & Van Vleck (1998) encontraram estimativa média da produção de leite em população de búfalos de rio igual a $2286,8 \pm 492,1$ kg.

Tabela 1. Médias, desvios padrão (DP), coeficientes de variação (CV) e números de lactações para produção de leite, em cada classe de desvio padrão e em análise geral

Parâmetros	Classes de Desvios-padrão		Geral
	Alto	Baixo	
Média (kg)	1870,21	1900,50	1885,48
DP (kg)	758,78	587,76	677,98
CV. (%)	40,57	30,92	35,95
Nº de lactações	1022	1039	2061

Estimativas pontuais e intervalo de credibilidade para as médias posteriores para os componentes de variância dos efeitos genéticos aditivos, ambiente permanente e ambiente temporário, para cada classe de desvio padrão fenotípico e, também, em análise geral, podem ser observados na Tabela 2. As médias posteriores para o componentes de variâncias foram maiores na classe de alto desvio padrão. Tanto as estimativas pontuais quanto os intervalos de credibilidade revelam presença de

heterogeneidade de variância. Um aumento nas estimativas de componentes de variância genética e residual, conforme aumento do nível de produção dos rebanhos, foi também observado por De Veer & Van Vleck (1987), Boldman & Freeman (1990), Dong & Mao (1990), Short et al. (1990), Costa (1998) e Torres (1998), todos em bovinos, por meio de inferência clássica.

As razões entre médias posteriores dos componentes de variância dos efeitos genéticos aditivos, ambiente permanente e

ambiente temporário com a média posterior do componente de variância fenotípica, ou seja, herdabilidade, parâmetro ambiental permanente e ambiental temporário, respectivamente, podem ser observados na Tabela 3. A classe de alto desvio padrão apresentou alta variabilidade, principalmente, com relação aos componentes não genéticos.

A herdabilidade obtida na classe de baixo desvio padrão foi próxima ao valor observado na análise geral e superior ao valor encontrado na classe de alto desvio padrão fenotípico. Valores do parâmetro ambiental permanente foram próximos em ambas as classes, enquanto que valores para o parâmetro ambiental temporário foram maiores na classe de alto desvio padrão fenotípico. As estimativas de herdabilidade obtidas nos extratos ou em análise geral demonstram que é possível alcançar bons resultados no processo de seleção para aumento da produção de leite nos rebanhos avaliados, sendo essa estimativa maior do que os valores encontrados por diversos autores, estudando a produção de leite em bubalinos, a exemplo de Sharma & Singh (1988), igual a 0,29; Kuralkar & Raheja (1997), igual a 0,22; Rosati & Van Vleck (1998) e Tonhati & Vasconcelos (1998) iguais a 0,14 e 0,25, respectivamente. No Brasil, com a raça Murrah, Malhado et al. (2007) estimaram a herdabilidade de 0,20 para a produção de leite.

Em estudo de heterogeneidade de variâncias com bovinos, Torres (1998) constatou aumento das variâncias genéticas aditivas e residuais, em decorrência do aumento do desvio padrão das classes. A estimativa de herdabilidade da classe de alto desvio padrão foi semelhante à da classe de baixo desvio padrão, que foi menor que a da classe de médio desvio padrão, como consequência de maior aumento da variância residual, em relação à variância genética aditiva, na classe de alto desvio padrão fenotípico, em relação à classe de baixo desvio padrão fenotípico.

Araújo et al. (2002), na raça Pardo-Suíço, verificaram estimativas de herdabilidade de 0,38, em ambos os níveis para a produção de leite, e iguais a 0,39 e 0,32, para os níveis de alta e baixa produção, respectivamente.

A correlação genética para produção de leite entre as classes de desvios padrão foi igual a 0,58, indicando que as produções de leite em cada classe se comportam como características diferentes e, conseqüentemente, os reprodutores seriam classificados de formas diferentes entre as classes de desvios padrão, revelando a existência de interação genótipo-ambiente. Boldman & Freeman (1990) detectaram correlações genéticas, para produção de leite, que variaram de 0,90 a 1,02 entre os níveis de produção baixo, médio e alto. Costa (1998) verificou correlações genéticas de 0,99 e 0,98, para produções de leite e de gordura, respectivamente, entre as classes de baixo e alto desvios padrão fenotípicos da produção de leite. Torres (1998) observou correlações genéticas, para produção de leite, entre as classe de baixo, médio e alto desvios padrão fenotípicos, que variaram de 0,92 a 0,97. Araújo et al. (2002) encontraram correlação genética de 0,85 para a produção de leite entre os extratos de desvio padrão.

Dos 44 reprodutores que apresentaram proles com produções de leite, 15 deles possuíam proles em ambas as classes de desvio padrão fenotípico. As médias, desvios padrão e mediana das soluções dos valores genéticos para a produção de leite geral, em cada classe de desvio padrão fenotípico e em análise geral, são apresentados na Tabela 4. As correlações de Spearman e de Pearson entre os valores genéticos, obtidos em análise geral e em análise de cada classe de desvio padrão fenotípico, para todos os reprodutores que tiveram proles avaliadas e para os 10 reprodutores com maiores valores genéticos para a produção de leite obtidos em análise geral, são apresentados na Tabela 5.

Tabela 2. Estimativas pontuais e intervalos de credibilidade, entre parênteses, para médias posteriores dos componentes de variância genética aditiva (V_a), ambiente permanente (V_p) e ambiente temporário (V_e) para produção de leite em cada classe de desvios padrão e em análise geral

Parâmetros	Classes de desvios-padrão				Geral
	Alto		Baixo		
V_a	83216,89	(74895,20 / 95699,42)	63731,66	(54809,22 / 71379,45)	80032,77 (62425,56 / 89636,70)
V_p	34833,84	(32047,13 / 39710,58)	24421,07	(21002,12 / 26863,17)	18653,52 (15295,88 / 20518,87)
V_e	129675,66	(112817,80 / 151720,5)	67539,38	(58083,86 / 75644,10)	103560,06 (83883,64 / 118058,46)

Tabela 3. Valores para herdabilidade (h^2), parâmetro ambiental permanente (c^2) e parâmetro ambiental temporário (e^2)

Médias posteriores	Classes de desvios-padrão		Geral
	Alto	Baixo	
h^2	0,33	0,41	0,39
c^2	0,14	0,15	0,10
e^2	0,53	0,44	0,51

Tabela 4. Médias, desvios padrão (DP), mediana, valores mínimo e máximo observados para os valores genético dos reprodutores em análise geral e em cada classe de desvio padrão fenotípico

Produção de leite	Média	DP	Mediana	Mínimo	Máximo
Geral	-0,12	206,09	-0,94	-528,54	494,27
Alto DP	0,46	170,51	-15,90	-407,59	477,26
Baixo DP	0,47	172,40	13,08	-457,88	336,46

Tabela 5. Correlação de Spearman para todos o reprodutores (acima diagonal) e para os dez melhores selecionados (abaixo da diagonal) em análise geral com os valores genéticos em cada classe de desvio padrão fenotípico

Itens	Geral	Alto desvio padrão	Baixo desvio padrão
Geral	1	0,94	0,93
Alto desvio padrão	0,89	1	0,90
Baixo desvio padrão	0,28	0,44	1

As medidas das correlações entre valores genéticos dos reprodutores foram todos altos e positivos quando a amostra considerou todos os reprodutores, indicando que os mesmos seriam classificados de forma similar pelos seus valores genéticos preditos, considerando-se ou não a heterogeneidade de variâncias. Todavia, quando se selecionam os 10 melhores reprodutores para a produção de leite em análise geral, ou seja, ignorando-se a heterogeneidade de variâncias da produção de leite, o percentual de coincidência com a classe de alto desvio padrão continua alto, porém a coincidência com a classe de baixo desvio padrão é baixa (28 %).

Com tais resultados, é possível afirmar que grande parte da origem da heterogeneidade de variâncias entre as classes de desvios padrão fenotípicos é resultante de fatores ambientais. Assim, quando se admitem variâncias constantes entre os rebanhos na avaliação genética dos animais, desconsiderando-se o nível de produção ou a variância estimada entre rebanhos, conforme resultados obtidos na análise geral, pode ocorrer uma classificação errônea do mérito genético dos animais. Com as variâncias aumentando, as produções de filhas de reprodutores, criadas em rebanhos mais variáveis, e conseqüentemente menos produtivos, como no caso deste estudo, influenciariam mais a avaliação dos reprodutores do que as produções de filhas criadas em rebanhos menos variáveis.

Se heterogeneidade de variância for ignorada, corre-se o risco de ordenação

incorreta dos animais por meio de seus valores genéticos e, conseqüentemente, o progresso genético pode ser afetado. Se, entretanto, as filhas dos touros estiverem distribuídas, aleatoriamente, entre rebanhos de baixa e alta variabilidade, espera-se que a ordem dos touros não seja influenciada. Porém, a ordem das vacas poderá ser influenciada e aquelas que produzem em rebanhos com maior variabilidade poderão ser superavaliadas, em detrimento da subestimação dos valores genéticos de fêmeas criadas nos rebanho de maior produção e menor variação fenotípica.

Com base nas médias posteriores de componentes de (co) variância genética aditiva da produção de leite obtidas em análise que considerou as classes de desvios padrão, foi calculado o coeficiente de regressão genética das características, medidas na classe de baixo desvio padrão fenotípico (b_{AB}) em razão da classe de alto desvio padrão fenotípico (b_{AB}), correspondendo o valor calculado a $b_{AB}=0,51$, representando o ganho genético esperado nos rebanhos de baixo desvio padrão, por unidade de ganho genético obtido nos rebanhos de alto desvio padrão. Para Vinson (1987), Torres et al. (2000) e Costa (2001), a heterogeneidade de variância, apesar de não causar a reclassificação nos valores genéticos, é a forma primária de interação genótipo-ambiente nas regiões temperadas. O fato de se ignorar a heterogeneidade de variância parece não afetar significativamente as avaliações de touros, mas tem importância na identificação de vacas elites, mães de futuros reprodutores, uma vez que,

geralmente, as mesmas expressam todo seu potencial em apenas um rebanho. Araújo et al. (2002), em estudo de heterogeneidade de variâncias para a raça Pardo Suíça, afirmaram que, na avaliação genética de reprodutores, é importante considerar a variabilidade entre rebanhos, pois, se rebanhos mais variáveis contribuem com a maior parte dos animais, a seleção de reprodutor pelo desempenho de suas filhas pode ocorrer em função não apenas do seu potencial, mas, também, do ambiente onde suas progênes expressam o fenótipo.

Existe Variabilidade genética para a produção de leite em bubalinos utilizados para a produção de leite, do que explorada por meio de critérios de seleção bem definidos pode promover a melhoria dos rebanhos.

Conclui-se que existe heterogeneidade de variâncias entre rebanhos que exploram a produção de leite em bubalinos da raça Murrah e, ainda, que a natureza dessa heterogeneidade de variâncias é resultante de fatores ambientais. Assim, os reprodutores estão sendo selecionados em razão do ambiente mais variável, em que suas progênes são criadas, do que propriamente pelos seus próprios méritos genéticos.

REFERÊNCIAS

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 variância na avaliação genética de reprodutores da raça Pardo-Suíça no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, p.1343-1349, 2002.

BASU, S.B.; GHAI, A.S. Studies on milk production in Murrah buffaloes. **Indian Journal Animal Science**, v.48, n.8, p.593-596, 1978.

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

COSTA, C.N. **Genetic relationships for milk and fat yields between Brazilian and United States Holstein cattle populations**. 1998. 175f. Thesis (Doctor of Philosophy) - Cornell University, Ithaca.

COSTA, C.N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in Brazilian herdenvironments. **Genetic and Molecular Biology**, v.22, n.3, p.375-381, 1990.

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.

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; SOUZA, J. C.; PICCININ, A. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil, **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.2, p.376-379, 2007.

MALHADO, C.H.M. **Análise genética e fenotípica do desenvolvimento ponderal de bubalinos de corte no Brasil**. 2005. 189 f. Tese (Doutorado em Genética) - UNESP, São Paulo.

MATHUR, A.K.; MATHUR, B.S.L. Murrah buffaloes in their breeding tract. **Indian Journal Animal Science**, v.62, n.10, p.961-967, 1992.

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, 6. 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, 1998. v.24, p.459-462.

SHARMA, R.C.; SINGH, B.P. Genetic studies no murrh buffaloes in livestock farms in Uttar Pradesh. In: WORLD BUFFALO CONGRESS, 2, 1988, New Delhi. **Proceedings...** New Delhi, 1988. p.128-133.

SHORT, T.H.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D. Heterogeneous within-herd variance: 1 Genetic parameters for first and second lactations milk yield of grade Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.11, p.3312-3320, 1990.

TONHATI, H.; VASCONCELLOS, B.F. Genetic aspects of productive and reproductive traits in murrh buffaloes herd in São Paulo, Brasil. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, 1998. v.24, p.485-488.

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

TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil**. 1998. 124f. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - UFMG, Minas Gerais.

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

VAN TASSELL, C. P.; L. D. VAN VLECK. A. **Manual for Use of MTGSAM. A set of fortran programs to Apply Gibbs Sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 86p.

Data de recebimento: 06/11/2007

Data de aprovação: 05/06/2008