

SANDRO HENRIQUE ANTUNES RIBEIRO

**EFEITOS DA ORIGEM E DA LINHAGEM DO DNA MITOCONDRIAL
SOBRE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS DE
BOVINOS LEITEIROS DA RAÇA GIR**

Tese apresentada à Escola de Veterinária da
Universidade Federal de Minas Gerais, como
requisito parcial para obtenção do título de
doutor em Zootecnia.

Área de concentração: Melhoramento Animal
Orientador: Jonas Carlos Campos Pereira

Belo Horizonte
Escola de Veterinária – UFMG
2007

R484e Ribeiro, Sandro Henrique Antunes, 1973-

Efeitos da origem e da linhagem do DNA mitocondrial sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos leiteiros da raça Gir / Sandro Henrique Antunes Ribeiro. – 2007.
47 p. : il.

Orientador: Jonas Carlos Campos Pereira

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária

Inclui bibliografia

1. Bovino de leite – Aspectos genéticos – Teses. 2. Bovino de leite – Reprodução – Teses. 3. Produção animal – Teses. 4. Herança citoplasmática – Teses. I. Pereira, Jonas Carlos Campos. II. Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária. III. Título.

CDD – 636.214 082

Tese defendida e aprovada em 31 de agosto de 2007, pela Comissão Examinadora constituída por:

Prof. Jonas Carlos Campos Pereira
(orientador)

Prof. José Aurélio Garcia Bergmann

Prof. Venício José de Andrade

Dr. Ivan Luz Ledic

Dr. Octávio Rossi de Moraes

DEDICATÓRIA

Dedico esse trabalho a minha esposa, Isis Daniely, a meus filhos, Ana Clara, Diogo, a mais recém chegada, Maria Cecília e aos meus pais, João Batista e Maria Fátima.

AGRADECIMENTOS

Agradeço;

Primeiramente, ao meu Pai Celestial, por Sua infinita misericórdia.

Ao professor Jonas, pelo apoio, compreensão, conselhos e ensinamentos, importantes a mim não somente enquanto estudante, mas por toda vida.

Ao professor e pesquisador Dr. Rui da Silva Verneque, que comigo compartilhou além de seu conhecimento e tempo, do convívio familiar e de sua amizade.

Aos professores, Martinho de Almeida e Silva, Ivan Barbosa Sampaio, Fernando Enrique Madalena, José Aurélio Garcia Bergmann e Venício José de Andrade, tanto pelos ensinamentos, quanto pelo exemplo de trabalho demonstrado durante todo período em que convivi com os mesmos.

Ao professor Dr. Gerson Mourão e sua equipe, pelo auxílio na identificação das linhagens citoplasmáticas.

Ao professor Dr. Flávio Vieira Meireles e sua equipe, pela orientação e auxílio com a realização das análises moleculares..

Aos colegas da Escola de Veterinária da UFMG, que comigo estiveram durante todo esse período de novas descobertas, compartilhando as emoções e enfrentando os desafios.

Aos funcionários e professores do colegiado de pós-graduação, pela compreensão e apoio nos momentos mais difíceis.

Aos colegas da EPAMIG pela amizade, apoio, confiança e compreensão, indispensáveis para a realização deste.

Aos estagiários, pelas horas infindáveis de digitação de dados.

À minha família, pelo carinho, apoio e incentivo.

À minha esposa por todo exemplo, amor e confiança.

Ao meu filho, Diogo, pelo exemplo de coragem perante os desafios.

Muito obrigado

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	6
LISTA DE FIGURAS	7
LISTA DE ANEXOS	8
RESUMO	9
<i>ABSTRACT</i>	10
1. INTRODUÇÃO	11
2. OBJETIVOS	12
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	12
3.1. Efeito citoplasmático sobre características de crescimento	12
3.2. Efeito citoplasmático sobre características de produção e composição do leite	15
3.3. Efeito citoplasmático sobre características de reprodução	17
4. MATERIAL E MÉTODOS	17
4.1. Origem dos dados	17
4.2. Consistência dos dados	18
4.3. Metodologia de análise	19
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
5.1. Parâmetros estatísticos descritivos	23
5.2. Influência citoplasmática sobre a estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos	24
5.3. Influência citoplasmática sobre a ordenação e seleção dos animais segundo seus valores genéticos	26
5.4. Influência citoplasmática sobre as tendências genéticas e fenotípicas	27
5.5. Correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre as características	31
6. CONCLUSÃO	33
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	34

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Estimativas de parâmetros genéticos por característica de crescimento, autor, ano e raça	15
Tabela 2	Linhagens citoplasmáticas, origem mitocondrial, número de representantes e participação no efetivo populacional	19
Tabela 3	Valores das estatísticas descritivas básicas.	23

LISTA DE TABELAS

Tabela 4	Componentes de variância obtidos por análise unicaracterística com os modelos 1 e 2 24
Tabela 5	Parâmetros genéticos obtidos por análises unicaracterística com os modelos 1 e 2 25
Tabela 6	Teste da razão de máxima verossimilhança entre os modelos que incluíam (modelo 1) ou não (modelo 2) a variável linhagem citoplasmática 25
Tabela 7	Valores de correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos sob os modelos que incluíam (modelo 1) ou não (modelo 2) a variável linhagem citoplasmática 27
Tabela 8	Estimativas das tendências genéticas (modelo 1 e 2) e fenotípicas no período de 1953 a 2002..... 27
Tabela 9	Estimativas dos componentes de variação e parâmetros genéticos obtidos em análise uni e bicaracterísticas 32
Tabela 10	Correlações genéticas e de ambiente temporário (permanente) entre características de produção e reprodução..... 33

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Tendências genéticas anuais preditas por cada modelo, e fenotípica da característica produção total média de leite, segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2002 28
Figura 2	Tendências genéticas anuais preditas por cada modelo, e fenotípica da característica produção média de leite até aos 305 de lactação, segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2002..... 29
Figura 3	Tendências genéticas anuais preditas por cada modelo, e fenotípica da característica período de lactação médio, segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2002..... 29
Figura 4	Tendências genéticas anuais preditas por cada modelo, e fenotípica da característica intervalo médio de partos, segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2001 30
Figura 5	Tendências genéticas anuais preditas por cada modelo, e fenotípica da característica produção média de leite por dia de intervalo de partos, segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2001 30
Figura 6	Tendências genéticas anuais preditas por cada modelo, e fenotípica da característica idade ao primeiro parto, segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2002..... 31

LISTA DE ANEXOS

Anexo 1	Valores genéticos (VG), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo terceiro no rank dos valores obtidos pelo modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (Conf) para a produção total de leite.....	37
Anexo 2	Valores genéticos (VG), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo segundo no rank dos valores obtidos pelo modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (Conf) para a produção de leite até aos 305 dias de lactação	38
Anexo 3	Valores genéticos (VG) preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo quarto no rank dos valores obtidos pelo modelo 2 e suas respectivas confiabilidades (Conf) para o período de lactação. 39	
Anexo 4	Valores genéticos (VG) preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo quarto no rank segundo o modelo 2 e suas respectivas confiabilidades (Conf) para o intervalo de partos	40
Anexo 5	Valores genéticos (VG) preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo terceiro no rank segundo o modelo 2 e suas respectivas confiabilidades (Conf) para produção de leite por dia de intervalo de partos.	41
Anexo 6	Valores genéticos (VG) preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo terceiro no rank segundo o modelo 2 e suas respectivas confiabilidades (Conf) para idade ao primeiro parto.	42
Anexo 7	Soluções para as Linhagens citoplasmáticas, ordenadas de forma crescente da idade ao primeiro parto com os correspondentes grupos genéticos, número de representantes e contribuição para o efetivo populacional do rebanho.	43
Anexo 8	Procedimento GLM SAS para produção total de leite.....	44
Anexo 9	Procedimento GLM SAS para produção de leite até 305 dias de lactação	45
Anexo 10	Procedimento GLM SAS para período de lactação	45
Anexo 11	Procedimento GLM SAS para intervalo de partos.....	46
Anexo 12	Procedimento GLM SAS para produção de leite por dia de intervalo de parto	46
Anexo 13	Procedimento GLM SAS para idade ao primeiro parto	47

RESUMO

Com o objetivo de avaliar a influência do DNA mitocondrial sobre características de produção e reprodução em rebanho Gir, foram analisados segundo a origem mitocondrial (*indicus* ou *taurus*) e linhagem citoplasmática (fêmeas fundadoras), 3385 registros de produções totais de leite (PT), produções de leite até os 305 dias de lactação (P305) e de períodos de lactação (PL); 2394 registros de intervalos de partos (IP) e de produções de leite por dia de intervalo de partos (PIP) e 618 registros de idades ao primeiro parto (IPP). A origem mitocondrial foi incluída no modelo como efeito fixo para a idade ao primeiro parto, por ter, em análise prévia, demonstrado ser significativa somente para essa característica. A estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos, assim como, a predição dos valores genéticos foram realizadas a partir de dois modelos animais; com e sem a inclusão da variável aleatória, linhagem citoplasmática, com o programa MTDFREML, pelo método da máxima verossimilhança restrita com algoritmo livre de derivadas. A linhagem citoplasmática foi relacionada a 1,6%; 1,5%; 1,2%, 0%, 0% e 0%, da variância fenotípica para as características PT, P305, PL, IP, PIP e IPP, não obstante, não se mostrou significativa no teste de razão de máxima verossimilhança. As correlações de postos entre os valores genéticos obtidos a partir dos modelos com e sem a inclusão da linhagem citoplasmática foram próximos à unidade para todas as características, embora desvios fossem identificados entre as tendências genéticas dos dois modelos para as características PT, P305 e PL. A origem mitocondrial, *indicus* ou *taurus* somente foi estatisticamente significativa ($p > 0,05$) para a variação da idade ao primeiro parto. A linhagem citoplasmática não contribuiu significativamente para a variância fenotípica de quaisquer das características deste estudo.

Palavras-chave: Herança citoplasmática, método da máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, modelo animal, Gir.

ABSTRACT

The objective of this study was evaluate the mitochondrial DNA influence on yields and reproduction traits in Gir herd, 3385 registers of milk yields (MY), milk yields until the 305 days of lactation (MY305) and lactation lengths (LL); 2394 registers of calving interval (CI) and milk yields per day of calving interval (MYCI) and 618 registers of age at first calving (AFC) had been analyzed according to mitochondrial DNA origin (*indicus* or *taurus*) and cytoplasmic lineages (foundation cows). The mitochondrial DNA origin was include in the model as fixed effect for the age to the first calving, therefore, in previous analysis, demonstrated to be significant only for this traits. Estimate of genetic components variation, parameters and prediction breeding values had been carried fitting two models animals; with and without the inclusion of the citoplasmic lineages, using restricted maximum likelihood derivative free algorithm. The citoplasmic lineage was related the 1,6%; 1,5%; 1,2%; 0%, 0% and 0%, of the phenotypic variance for traits MY, MY305, LL, CI, MYCI and AFC, even so it did not present significant in the test of reason of maximum likelihood. The correlations of ranks between the breeding values from models with and without the inclusion of the cytoplasmic lineage had been next to the unit for all the traits, however bias had been identified between genetic trends of the two models for traits MY, MY305 and LL. The mitochondrial origin, *indicus* or *taurus* were only significant (P 0,05) for the variation of the age to the first calving. The cytoplasmic lineages did not contribute significantly for the phenotypic variance of any of the traits of this study.

Key Words: Animal model, citoplasmic heritage, Gir, restricted maximum likelihood derivative free method.

1. INTRODUÇÃO

A variação fenotípica de uma característica ou a variação que é prontamente observada é resultado da ação de vários componentes: meio ambiente, constituído pelos meios temporário e permanente; genéticos, determinados pela totalidade das ações epistáticas, de dominância e de aditividade exercidas pelos genes ligados à característica e pelas possíveis interações entre estes. No melhoramento genético se trabalha com o segundo grupo de componentes, mais especificamente, no caso de programas de seleção, com os de ação aditiva. Deste modo, é imprescindível a sua correta identificação e separação dos demais componentes de variação. Nos mamíferos, que no presente caso é representado pelos bovinos, a influência materna também se constitui fonte de variação entre indivíduos por meio dos denominados efeitos maternos. Hohenboken (1985) caracterizou como efeito materno qualquer contribuição, influência ou impacto sobre o fenótipo de um indivíduo que é atribuído diretamente ao fenótipo de sua mãe.

Meyer (1992) argumentou que o fenótipo da vaca tem influência no fenótipo do filho sob duas formas: pela cessão de metade de seu componente genético direto e pelo seu componente para efeito genético materno. A conceituação do que seja o componente genético materno, que às vezes parece confusa, pode ser bem compreendida no exemplo do peso a desmama. Na expressão do peso à desmama atuam dois grupos de genes, aqueles oriundos do DNA do próprio animal, que estão diretamente relacionados com o ganho de peso até a desmama, denominado efeito genético direto, e aqueles oriundos do DNA da mãe, denominado efeito genético materno que, juntamente, com o meio em que a mãe está exposta, são responsáveis por características como produção de leite, comportamento materno e produção de imunoglobulinas, entre outras. Apesar desses genes não estarem

relacionados diretamente com o ganho de peso, a sua expressão contribui de alguma forma para este. Assim, enquanto que para a mãe o componente materno é genético e ambiental, para a cria é inteiramente ambiental.

A vaca pode, ainda pelo seu fenótipo, contribuir para o crescimento da cria pelo efeito de meio permanente. Esse efeito, comum a meios irmãos maternos, advém de tudo que comprometa permanentemente a expressão do componente genético materno, mas que não está relacionado ao genótipo da mãe, como perda de tetas decorrentes de mastites, problemas locomotores, fibroses uterinas, entre outros.

Recentemente, tem-se reconhecido o DNA mitocondrial como outro componente para o efeito materno total. O DNA mitocondrial bovino contém 16338 nucleotídeos, que codificam 13 polipeptídios essenciais à cadeia respiratória, além de 22 RNAs transportadores e 2 ribossômicos (Gibson *et al.*, 1997), sendo responsável pela codificação da maioria das enzimas participantes do processo de síntese de ATP (adenosina-trifosfato), molécula de energia mais prontamente disponível para as atividades celulares. Essa função de geração de energia para célula e a característica de ser transmitido unicamente pela mãe têm sido os argumentos científicos mais comumente usados para realização de estudos sobre sua importância na expressão das características de crescimento e de produção.

Explicações sobre os possíveis mecanismos envolvidos nesse tipo de herança uniparental podem ser encontradas na literatura. Hecht *et al.* (1984); Gyllesten *et al.* (1985), citados por Gunski (2001), pela observação que no camundongo, o espermatozóide contribui apenas com 50 das 10^5 mitocôndrias de um zigoto (0,005%), indicaram como provável explicação a baixa contribuição de mitocôndrias por parte do gameta masculino quando cotejado com a do feminino. Já

Cummins (1998) e Meirelles (1999) sugeriram a perda do DNA paterno no momento da fertilização, uma vez que as mitocôndrias no gameta masculino, em razão do enorme gasto energético despendido ao longo do trajeto do tracto genital feminino, estariam debilitadas, sendo assim degradadas por mecanismos de defesa intracelulares do óvulo.

A origem do DNA mitocondrial e a razão dele possuir esse conjunto específico de genes são questões a serem respondidas pela ciência. A teoria mais aceita atualmente é a que as mitocôndrias se originaram no decorrer da evolução, a partir de uma relação endossimbiótica, promovida pela invasão de células ancestrais eucariotes por células procariontes, bactérias capazes de utilizarem o oxigênio, elemento abundante na atmosfera primitiva, para a geração de energia. Nesta relação, enquanto a célula eucariote fornecia proteção e compostos orgânicos, a procarionte possibilitava maior ganho energético a partir destes. Conjectura-se que existiria maior conjunto gênico nas células procariontes ancestrais e que com o passar dos anos, por já não terem funcionalidade explícita, ou perderam-se ou migraram-se para o núcleo. Contudo, os genes cernes, responsáveis pelo estabelecimento da relação endossimbiótica, permaneceram. Atualmente, a maioria das células eucariotes é totalmente dependente dos genes organelares para seu funcionamento normal. (Griffiths *et al.* 2002)

Outros pontos de discussão envolvendo o DNA mitocondrial são a sua provável contribuição na variação das características de crescimento, produção e reprodução. Muitos estudos já foram realizados com este intento e embora haja predomínio da literatura científica dos que tratam dos efeitos da herança citoplasmática sobre o primeiro grupo de características, há resultados importantes desta sobre características ligadas à produção e composição do leite, especificamente, na

percentagem de gordura, na concentração de energia e na idade ao primeiro parto. Contudo, todos os trabalhos sobre o tema da influência citoplasmática em características de produção e reprodução foram desenvolvidos nas raças da subespécie *taurus* sendo ainda inédito qualquer tentativa de se identificar a influência citoplasmática para essas características na subespécie *indicus*.

2. OBJETIVOS

São objetivos do presente estudo;

- a) Avaliar a influência da origem mitocondrial e da linhagem citoplasmática na variação fenotípica das características de produção e reprodução em rebanho Gir aptidão leiteira, assim como na partição desta em seus componentes genéticos e ambientais.
- b) Avaliar as alterações na ordenação dos animais segundo os méritos genéticos e quantificar os desvios nas tendências genéticas, promovidos pela inclusão do componente da linhagem citoplasmática no modelo de análise.
- c) Estimar as herdabilidades e as correlações genéticas e ambientais entre as características de produção e reprodução.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Efeito citoplasmático sobre características de crescimento

A maioria dos trabalhos publicados sobre o tema da influência citoplasmática em características de importância econômica para sistemas de produção de bovinos, foi realizada em características de crescimento. Um dos primeiros trabalhos de avaliação da influência da linhagem citoplasmática sobre características de crescimento foi realizado por Tess *et al.* (1987), nas características

peso ao nascimento, ganho médio diário de peso pré-desmama, peso aos 205 dias e produção predita de leite em dois rebanhos da raça Hereford. Observaram, utilizando-se do procedimento de quadrados mínimos, efeito significativo da linhagem citoplasmática sobre as três características de crescimento em ambos os rebanhos, enquanto que para a produção predita de leite só foi observada em um dos rebanhos, justamente naquele em que se observou maior contribuição para as características de crescimento. Os autores concluíram que existem permanentes e potencialmente importantes diferenças no crescimento pré-desmame entre linhagens maternas e sugeriram, como provável justificativa, a influência do DNA mitocondrial na produção predita de leite.

Entretanto, no ano anterior ao da publicação de Tess *et al.* (1987), Kennedy (1986) já havia questionado o efeito significativo da linhagem citoplasmática, observado por Bell *et al.* (1985), para a variação das características de produção e composição do leite. Neste trabalho, Kennedy (1986) simulou um conjunto de dados de produção de leite similar aos de Bell *et al.* (1985) e obteve resultados altamente consistentes com o deste, conduzido se valendo de um modelo genético aditivo sob herança mendeliana sem nenhum efeito citoplasmático. Concluiu que os efeitos genéticos aditivos não explicados podem produzir falsos efeitos citoplasmáticos. Para evitar esse tipo de confundimento, sugeriu a utilização do modelo animal o qual explicaria toda a covariância aditiva possível entre as observações.

Tess e Robison (1990), analisando os dados apresentados por Tess *et al.* (1987), mas sob a metodologia do modelo animal, concluíram que os efeitos genéticos citoplasmáticos não contribuíram para a variação observada no desempenho dos bezerros. Contudo, afirmaram que o fato da herança do DNA mitocondrial nos mamíferos ser restrito à mãe, faz com que os

efeitos citoplasmáticos sejam um tipo de efeito fundador em rebanhos fechados, podendo, desta forma, existir em outros rebanhos com diferentes fontes citoplasmáticas.

O primeiro estudo no Brasil sobre herança citoplasmática foi realizado por Alencar *et al.* (1993), que avaliaram, pela metodologia de quadrados mínimos, o efeito da linhagem citoplasmática sobre os pesos ao nascimento, à desmama e aos 365 dias de idade de animais da raça Canchim. Constataram efeito significativo da linhagem citoplasmática sobre todas as características, embora os componentes de variância desse efeito tenham contribuído com menos de 2% da variância fenotípica.

Alencar *et al.* (1998), semelhantemente a Tess e Robison (1990), reanalisaram os dados de Alencar *et al.* (1993) sob a metodologia do modelo animal, considerando a linhagem citoplasmática como efeito fixo e aleatório. Observaram que a linhagem citoplasmática como efeito fixo contribuía com maior fração para a variância fenotípica do que como efeito aleatório. Não obstante, verificaram que, independentemente de como considerada, sua contribuição teve pouca importância quando comparada a do componente genético aditivo direto e concluíram que a seleção de animais até um ano de idade na raça Canchim dever-se-ia basear somente no mérito genético aditivo.

Em outro estudo, Meirelles *et al.* (1999), por metodologia molecular, analisaram o padrão de DNA mitocondrial nas raças Nelore, Gir e Brahman e observaram, respectivamente, que nos animais puros de origem (PO) 79%, 73% e 100% do DNA mitocondrial era do padrão taurino, enquanto nos puros de origem importada (POI), esses representavam apenas 26%, 25% e 0%, o que, segundo estes autores, confirma a participação de fêmeas *Bos taurus taurus* na formação do zebu americano. Concluíram, diante desta descoberta, que o Zebu

brasileiro é excelente modelo para o estudo da herança citoplasmática, já que permite formar dois grupos que compartilham elevada percentagem de genes nucleares, mas diferem quanto ao padrão mitocondrial.

Gunski (2001) avaliou a influência da linhagem citoplasmática sobre a estimação dos componentes de variância dos pesos pré e pós desmama na raça Nelore. Para tanto, utilizou diferentes modelos animais, nos quais a linhagem citoplasmática figurava ou como efeito aleatório ou como fixo incluído no grupo de contemporâneos ou como fixo independente do grupo ou, simplesmente, era desconsiderada na análise. Não observou diferenças significativas entre os coeficientes de herdabilidades obtidos pelos distintos modelos, os quais indicavam contribuição desprezível da influência citoplasmática para a variação fenotípica de todas as características analisadas. Concluiu, por conseguinte, que o DNA mitocondrial, independente de como considerado, se variável aleatória ou fixa, não exerce influência significativa sobre os parâmetros genéticos das características de crescimento pré e pós-desmama na raça Nelore.

Em continuação a este estudo, Gunski (2001), utilizando o DNA mitocondrial como marcador, verificou que as DEP's médias dos animais com DNA mitocondrial *taurus* foram sempre superiores e diferiram significativamente daquelas observadas para os de DNA mitocondrial *indicus*. Por outra parte, observou que ao dividir as DEP's em classes, os animais com DNA mitocondrial *indicus* apresentaram maior frequência nas classes com valores de DEP's negativos, enquanto os com DNA mitocondrial *taurus* foram sempre mais frequentes nas classes com valores positivos. Justificou esse achado, ou à forte influência de genes nucleares de origem taurina ou às possíveis interações entre genes nucleares e mitocondriais ou, ainda, à maior resposta de seleção no rebanho Nelore puro de origem (PO) que nos animais puro de origem

importada (POI). Concluiu que o DNA mitocondrial constitui um bom indicador da presença de genes de origem taurina na raça Nelore e que, desta forma, poderia ser utilizado como critério adicional na seleção de fêmeas.

Pelicioni e Queiróz (2001) estudaram a influência da linhagem citoplasmática sobre as características peso ao nascer e ganho médio diário de peso na pré-desmama em bovinos da raça Caracu. Para consecução do estudo, realizaram várias análises com modelos animais em que esta era considerada como variável aleatória ou fixa, ou não era considerada. Observaram que nas duas características, o efeito da linhagem citoplasmática foi de pequena magnitude, gerando estimativas praticamente nulas nos dois modelos em que foi incluída. Na conclusão afirmaram que a influência da linhagem citoplasmática não foi significativa na expressão dessas características na raça Caracu.

Em um dos mais recentes trabalhos desenvolvidos sobre o tema, Oliveira (2005) avaliou, pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas (DREML), em análises unicaracterística, a influência da linhagem citoplasmática sobre características de comportamento e crescimento na raça Nelore. Observou redução nas variâncias aditivas diretas e maternas das características peso à desmama, ganho de peso desmama aos 12 meses, peso ao sobreano, ganho de peso da desmama ao sobreano, perímetro escrotal e temperamento, quando a linhagem era adicionada ao modelo e superestimativas das diretas quando não era adicionada. Contudo, as maiores diferenças entre modelos foram observadas para o peso à desmama e perímetro escrotal, sendo significativas no teste da razão de máxima verossimilhança ($P < 0,05$) somente no peso à desmama. As diferenças observadas no peso médio à desmama entre linhagens maternas foram de 22,4 Kg.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos por característica de crescimento, autor, ano e raça.

Características	Raça	Nº. de registros	Parâmetros genéticos					Autores
			h_a^2	h_m^2	r_{am}	lc^2	c^2	
Peso ao nascer	H	20690	0,33	0,13	0,00	0,00	0,02	Tess <i>et al.</i> , (1994)
	C	4212	0,30	0,07	-0,36	0,00	0,02	Pelicioni e Queiróz, (2001)
	N	10788	0,22	0,03	-0,27	0,05	0,00	Oliveira, (2005)
Peso aos 120 dias de idade	N	4973	0,24	0,13	-	0,00	0,12	Gunsky (2001)
	N	8232	0,24	0,11	-0,42	0,06	0,05	Oliveira, (2005)
Peso a desmama	N	4772	0,23	0,07	-	0,00	0,19	Gunsky (2001)
	N	18377	0,28	0,05	0,00	0,08	0,01	Oliveira, (2005)
Peso aos 365 dias de idade	N	3568	0,20	0,08	-	0,00	0,05	Gunsky (2001)
	N	10890	0,35	0,05	-0,48	0,03	0,02	Oliveira, (2005)
Peso ao sobre ano	N	11771	0,33	-	-	0,03	-	Oliveira, (2005)
Peso aos 450 dias de idade	N	3311	0,24	-	-	0,00	0,06	Gunsky (2001)
Peso aos 550 dias de idade	N	2671	0,31	-	-	0,00	0,07	Gunsky (2001)
Ganho de peso até aos 120 dias de idade	N	8232	0,19	0,06	0,00	0,00	0,09	Oliveira, (2005)
Ganho de peso até a desmama	H	12720	0,16	0,20	-0,04	0,00	0,15	Tess <i>et al.</i> , (1994)
	C	3844	0,17	0,04	-0,18	0,00	0,02	Pelicioni e Queiróz, (2001)
	N	18377	0,45	0,03	0,00	0,04	0,11	Oliveira, (2005)
Ganho de peso até aos 365 dias de idade	H	16755	0,28	0,01	-0,05	0,00	0,00	Tess <i>et al.</i> , (1994)
	N	10773	0,04	0,01	-0,05	0,00	0,00	Oliveira, (2005)
Ganho de peso até o sobreano	N	11771	0,13	-	-	0,02	-	Oliveira, (2005)

h_a^2 = herdabilidade aditiva direta, h_m^2 = herdabilidade aditiva materna, r_{am} = correlação genética entre os efeitos maternos e diretos, lc^2 = linhagem citoplasmática, c^2 = fração do meio permanente, N = Nelore, H= Hereford e C= Caracu.

3.2. Efeito citoplasmático sobre características de produção e composição do leite

Em relação às características de produção, os primeiros trabalhos foram realizados por Bel *et al.*, (1985) e Huizinga *et al.*, (1986), em estudos sobre a influência da linhagem citoplasmática em, respectivamente, 4461 e 290 primeiras lactações de vacas Holandesas. Esses autores, utilizando o modelo touro e considerando a linhagem citoplasmática como variável fixa, relataram

relacionamento estatisticamente significativo ($P > 0,05$) entre esta e as características de produção e composição do leite. No entanto, conforme comentário anterior, estes resultados foram questionados por Kennedy (1986), que argumentou que a falha residia no uso do modelo touro, que por não considerar todas as covariâncias entre observações promoveria o confundimento do componente de linhagem citoplasmática com os efeitos genéticos aditivos diretos. Este último autor sugeriu a utilização do modelo animal para melhor

separação entre esses efeitos.

Southwood *et al.* (1989) testaram mediante simulação de bancos de dados com e sem a presença da variável linhagem citoplasmática, a eficiência dos modelos touro e animal em decompor a variação genética total em seus componentes aditivos direto, aditivos materno e citoplasmático. Verificaram que o modelo animal promoveu melhor partição que o modelo touro, sendo recomendado nas análises das características em que esses componentes estão presentes.

Schutz *et al.* (1992), em estudo sobre a influência da herança citoplasmática sobre características de produção e composição do leite, observaram, a linhagem citoplasmática como fonte de variação estatisticamente significativa ($P < 0,05$), em todos os modelos testados, tanto para percentagem de gordura como para a concentração de energia no leite. Sugeriram que, apesar da influência da linhagem citoplasmática não ser significativa sobre a produção dos constituintes sólidos não gordurosos (proteínas, lactose e sais minerais), outras análises, com esses constituintes em separado, seriam úteis para a obtenção de uma conclusão mais fidedigna.

Schutz *et al.* (1993), avaliando a influência citoplasmática sobre características de produção e composição do leite em vacas Holandesas, sob três diferentes metodologias de classificação molecular das linhagens citoplasmáticas, observaram efeito significativo ($P < 0,05$) da linhagem citoplasmática sobre a percentagem de gordura e concentração de energia em duas delas e em uma quanto à produção de gordura.

Boettcher *et al.* (1996), utilizando a metodologia modelo animal na avaliação da linhagem citoplasmática no mesmo rebanho estudado por Bel *et al.* (1985), mas com registros colhidos mais recentemente, constataram efeito significativo da linhagem citoplasmática sobre as características percentagem de gordura e concentração de

energia no leite, sendo que linhagem citoplasmática, como variável fixa respondeu por mais variação da percentagem de gordura, que como aleatória. Em nova análise, Boettcher *et al.* (1996), agrupando seus dados aos utilizados por Schutz *et al.* (1992), encontraram que a linhagem citoplasmática contribui com 2,9% da variação total para percentagem de gordura. Concluíram que análises com maior número de observações por linhagem poderiam produzir resultados diferentes nos testes de significância e que a determinação mais precisa da contribuição mitocondrial para a variância das características necessitaria de análises de grandes amostras de dados.

Boettcher *et al.* (1996b), objetivando avaliar os efeitos da linhagem citoplasmática na estimação dos componentes de variância, assim como na acurácia das avaliações genéticas, simularam diferentes populações semelhantes à existente de vacas Holandesas nos Estados Unidos, com 0; 2,5; 5 e 10% de participação da linhagem citoplasmática na variância fenotípica. A partir daí, realizaram avaliações genéticas estimando os valores genéticos utilizando diferentes modelos mistos, no quais a linhagem citoplasmática era considerada ou como efeito fixo ou como aleatório ou não era considerada. Os autores observaram que quando os efeitos citoplasmáticos existiam e não eram considerados, obtinham-se estimativas viesadas dos componentes de variância, menor acurácia na predição da habilidade provável de transmissão (PTA) e, conseqüentemente, menor ganho genético. A seleção de vacas é mais influenciada por ignorar os efeitos citoplasmáticos, quando estes existem, que a dos touros.

Rorato *et al.*, (1998), avaliando a importância do viés promovido pela metodologia REML na estimação do componente citoplasmático, concluíram que a contribuição observada de 1,1% da linhagem citoplasmática para a variância fenotípica da produção de leite, diante de um viés de 0,03% não é importante para

variação da produção de leite.

Albuquerque *et al.* (1999), estudando a influência citoplasmática sobre a produção de leite, produção e percentagem de gordura nas três primeiras lactações de vacas Holandesas, observaram a contribuição pequena desse componente para as três características, contudo salientaram que o componente de variância aditiva era acrescido quando esse era retirado do modelo. Concluíram, questionando a real origem das pequenas contribuições atribuídas ao componente citoplasmático, se reais ou impostas pela metodologia REML.

Pelicioni e Queiróz (2001) avaliaram o efeito da linhagem citoplasmática sobre a produção de leite em bovinos da raça Caracu, por meio de vários modelos animais que incluíam a linhagem citoplasmática como efeito aleatório. Concluíram que, apesar da ínfima contribuição da linhagem citoplasmática ($1,32 \times 10^{-6}\%$ e $1,16 \times 10^{-6}\%$) para a variância fenotípica, sua inclusão exercia impacto sobre a variável ambiente permanente, que, por sua vez, na ausência da linhagem citoplasmática, inflacionava a variação genética aditiva direta. Portanto, apesar da estimativa da variância da linhagem citoplasmática ter sido extremamente baixa, sendo significativa somente a nível de 13% de probabilidade, sua inclusão nos modelos de análise poderia ser justificada por proporcionar melhor ajuste dos dados, explicando melhor a variação da produção de leite e propiciando estimativas mais confiáveis dos parâmetros genéticos.

3.3. Efeito citoplasmático sobre características de reprodução

São poucos os trabalhos sobre a influência citoplasmática em características relacionadas à eficiência reprodutiva. Contudo, Henkes *et al.* (2004) avaliaram a influência citoplasmática sobre características reprodutivas na raça Brangus

(3/8 Nelore e 5/8 Aberdeen Angus) e observaram que a linhagem citoplasmática contribuiu com 15% da variância fenotípica da idade ao primeiro parto, aproximando-se dos 19% de contribuição do efeito genético direto. A influência dos efeitos genéticos materno não foi observada em qualquer uma das características reprodutivas.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Origem dos dados

Os dados deste estudo foram extraídos dos registros zootécnicos pertencentes à Fazenda Experimental Getúlio Vargas (FEGT) - EPAMIG entre os anos de 1953 a 2002. A Fazenda, localizada no município de Uberaba, MG, possui um dos mais tradicionais rebanhos Gir Leiteiro do país. Fundado em 1948, quando foram adquiridas 30 matrizes de fazendas particulares da região, sendo que algumas das vacas Gir já existentes na propriedade participaram da formação inicial do rebanho. Nos anos de 1952 e 1962, foram adquiridos de diversos criadores novos grupos de 96 e 15 vacas, respectivamente. Após esta última aquisição de animais, houve pouco ingresso de fêmeas no rebanho (Ledic *et al.*, 2004), formando, deste modo, um rebanho com várias origens e com possível múltiplo tipos de linhagens citoplasmáticas (fêmeas fundadoras do rebanho), cada uma com várias gerações de descendentes.

Atualmente, a fazenda é constituída por 283 ha, sendo 180 ha de pastagem, 46 ha destinados para a produção de volumoso e sete ha destinados a estrutura física. O rebanho é formado por, aproximadamente, 630 animais, desde recém nascidos até os animais mais velhos. Todas as categorias são mantidas, durante o período chuvoso, no sistema de pastejo rotacionado, respeitando a exigência nutricional de cada categoria no momento da escolha da espécie forrageira. Vacas em lactação são manejadas em pastagem de capim *Pennisetum purpureum*

(capim elefante), observando-se 45 dias de período de descanso e um dia de período de ocupação. Bezerros em aleitamento são mantidos em pastagem de capim *Panicum maximum* cv. Tanzânia, manejados em condições de pastejo rotacionado, observando-se 30 dias de período de descanso e cinco dias de período de ocupação. Vacas secas e fêmeas em recria são manejadas em pastejo rotacionado de capim *Brachiaria decumbens*, observando-se 32 e 33 dias de período de descanso e oito e 11 dias de período de ocupação, respectivamente, para o primeiro e segundo grupo de animais, Novilhas em reprodução são mantidas em pastagem de capim *Brachiaria brizantha* cv. Marandu, manejada em condições de pastejo rotacionado, observando-se 32 dias de período de descanso e quatro dias de período de ocupação. As vacas em lactação são manejadas exclusivamente em pastagem durante o período das águas, recebendo mistura mineral à vontade. Não é fornecida suplementação concentrada para as vacas que apresentam produção abaixo de 10 kg/dia. Vacas com produção de leite entre 10-18 kg/dia recebem suplementação de um kg de concentrado para cada seis kg de leite e as vacas que produzem acima de 18 kg/dia recebem suplementação de um kg de concentrado para cada quatro kg de leite. Durante o período da seca, as vacas em lactação são suplementadas com volumoso e concentrado além de mistura mineral à vontade. O volumoso utilizado é a silagem de *Sorghum bicolor* L. Moench que é fornecida à vontade. Comumente é observado consumo de silagem de 28 kg de matéria verde/vaca/dia (9,9 kg de matéria seca/vaca/dia). O concentrado é utilizado na proporção de um kg para cada 3,8 kg de leite. O manejo descrito é o praticado durante o período das águas, na seca, o período de descanso é acrescido de 45 a 55 dias para proporcionar melhor recuperação das pastagens. É prática rotineira, neste período, suplementar com volumosos, vacas, bezerros em aleitamento e animais de recria

(Fernandes *et al.*, 2006).

4.2. Consistência dos Dados

As linhagens citoplasmáticas, consideradas como sendo as fêmeas fundadoras do rebanho, foram identificadas pelo programa LINMAT, descrito em Mourão *et al.* (2006), traçando caminhos das fêmeas atuais até primeiras fêmeas ancestrais no pedigree.

Depois de identificadas as linhagens, amostras de sangue de dois a três representantes de cada foram analisadas segundo a metodologia descrita em Meirelles *et al.* (1999), a qual permite pela observação de polimorfismos no DNA mitocondrial, separar as linhagens em dois grandes grupos; *indicus* ou *taurus*. Entretanto, na análise de variância dos fatores a serem adicionados ao modelo para cada característica (anexo 8 - 13), somente se observou efeito significativo da origem mitocondrial (*indicus* ou *taurus*) na idade ao primeiro parto, sendo incluído ao modelo de análise, juntamente com a variável ano e época de nascimento, como efeitos fixos para esta característica. Para todas as outras características, considerou-se somente a variável ano e época de parto como efeito fixo e, como covariável de efeito linear e quadrático, a idade da vaca por ocasião do parto. Em razão das diferenças quanto ao regime pluviométrico, temperatura e disponibilidade de forrageiras, as épocas de parto e de nascimento compreendidas entre os meses de abril a setembro foram classificadas como um (1) e como dois (2) as compreendidas entre os meses de outubro a março do ano subsequente.

Na consistência dos dados e na formação dos arquivos para análise, utilizou-se dos procedimentos do programa SAS (1995). Neste processo, foram excluídos: os registros de lactações com encerramento, comprovadamente anormal, ou seja, que foram encerradas ou que se encerraram em virtude de outros fatores que não a baixa produção; os intervalos de partos maiores

que 728 dias; reprodutores e matrizes com menos de 3 filhos; anos e épocas de parto que apresentaram menos de 3 registros de produção e linhagens citoplasmáticas com menos de 5 representantes com registros próprios de produção. Ao final do processo foram formados dois arquivos; um genealógico, que gerou matriz de parentesco com 1649 animais, e outro zootécnico, com 1017 animais, 2394 intervalos de partos, totalizando 3385 lactações, com média de 3,3 lactações por vaca.

4.3. Metodologia da análise

Na obtenção dos parâmetros estatísticos descritivos e das estimativas dos componentes de covariância para os efeitos genéticos, fenotípicos e de ambiente foi utilizado o programa MTDFREML sob dois tipos de modelos, que se distinguiam pela inclusão ou não da variável linhagem citoplasmática. Este programa estima os componentes de variância, que, posteriormente, são utilizados na obtenção dos parâmetros genéticos, pelo método da máxima verossimilhança restrita com algoritmo livre de derivadas, proposto por

Boldman *et al.* (1995), sob modelo animal. Nesse método, um algoritmo simplex é utilizado para localizar o mínimo de $-2\log A$, sendo A representante da função de verossimilhança depois de atingido o critério de convergência (10^{-9}).

A questão de como se deve considerar a linhagem citoplasmática no modelo de análise; efeito fixo ou aleatório, ainda não está bem claro. Segundo Boettcher *et al.* (1996), quando se considera a linhagem como efeito aleatório, obtém-se maior acurácia na seleção de vacas e menor variância de resíduo, sendo essa diferença em acurácia aumentada à medida que se reduz o número de vacas por linhagem.

Neste trabalho, como algumas linhagens apresentaram número reduzido de vacas (Tab. 2), optou-se por considerar a linhagem como efeito aleatório não correlacionado ao efeito genético aditivo direto. Na Tab. 2 estão relacionadas as linhagens citoplasmáticas com respectivo número de representantes, a origem mitocondrial a que pertencem, quando identificada, e a sua contribuição no efetivo populacional do rebanho.

Tabela 2. Linhagens citoplasmáticas, origem mitocondrial, número de representantes e contribuição para o efetivo populacional do rebanho.

Linhagem materna	DNAmit	N	%	Linhagem materna	DNAmit	N	%
10041	<i>indicus</i>	17	1,67	10056	*	14	1,38
10050	<i>indicus</i>	65	6,39	10057	*	17	1,67
10054	<i>indicus</i>	53	5,21	10058	*	6	0,59
10089	<i>indicus</i>	22	2,16	10061	*	18	1,77
10001	*	7	0,69	10062	<i>taurus</i>	13	1,28
10003	<i>taurus</i>	20	1,97	10064	<i>taurus</i>	33	3,24
10007	*	5	0,49	10068	<i>taurus</i>	44	4,33
10008	<i>taurus</i>	65	6,39	10069	*	24	2,36
10010	<i>taurus</i>	42	4,13	10071	*	7	0,69
10017	<i>taurus</i>	76	7,47	10072	*	6	0,59
10019	*	8	0,79	10074	*	5	0,49
10027	<i>taurus</i>	39	3,83	10075	*	6	0,59
10031	*	6	0,59	10079	<i>taurus</i>	32	3,15
10034	*	15	1,47	10080	*	14	1,38

Linhagem materna	DNAmít	N	%	Linhagem materna	DNAmít	N	%
10035	<i>taurus</i>	63	6,19	10082	<i>taurus</i>	61	6,00
10036	<i>taurus</i>	21	2,06	10083	<i>taurus</i>	5	0,49
10039	*	5	0,49	10098	*	13	1,28
10042	<i>taurus</i>	12	1,18	10100	*	11	1,08
10044	<i>taurus</i>	27	2,65	10101	*	7	0,69
10047	<i>taurus</i>	29	2,85	10102	*	5	0,49
10052	*	5	0,49	10108	<i>taurus</i>	8	0,79
10053	*	10	0,98	10109	<i>taurus</i>	12	1,18
10055	<i>taurus</i>	44	4,33				

LC= linhagem citoplasmática, N= número de representantes.

Os modelos mistos completos utilizados foram;

- a) para todas as características com exceção da idade ao primeiro parto.

$$Y_{ijk} = AEP_i + \beta_1(I_{ijk} - D) + \beta_2(I_{ijk} - D)^2 + A_{ij} + EP_{ij} + C_{ij} + e_{ijk}$$

Onde

Y_{ijk} = Qualquer das características, exceto a idade ao primeiro parto, da vaca j, no ano e época de parto i, AEP_i = efeito fixo do $i^{ésimo}$ ano e época de parto, β_1 e β_2 = coeficientes de regressão linear e quadrático da idade da vaca Y_{ijk} com relação a idade ao parto, A_{ij} = Efeito genético aditivo direto do animal j, tomado como aleatório no ano e

época i, EP_{ij} = efeito de ambiente permanente do animal j tomado como aleatório independente de A_{ij} , no ano e época i, C_{ij} = Efeito da linhagem citoplasmática do animal j tomado como aleatório independente de A_{ij} , no ano e época i, e_{ijk} = erro aleatório associado a cada observação, suposto normal e independente.

- b) para a idade ao primeiro parto

$$Y_{ijkl} = AEN_i + OM_j + A_{ijk} + C_{ijk} + e_{ijkl}$$

Onde

Y_{ijkl} = Idade ao primeiro parto, da vaca j , no ano época i , AEN_i = efeito fixo do $i^{ésimo}$ ano e época de nascimento, OM_j = Efeito fixo da $j^{ésima}$ origem mitocondrial, A_{ij} = Efeito genético aditivo direto do animal j , tomado como aleatório no ano e

época i , C_{ijk} = Efeito da linhagem citoplasmática do animal j tomado como aleatório independente de A_{ijk} , no ano e época i , e_{ijkl} = erro aleatório associado a cada observação, suposto normal e independente.

Os modelos completos (modelo 1) em notação matricial são:

A. Análise unicaracterística

a.1. Todas as outras características, exceto a idade ao primeiro parto.

$$Y = X\beta + Z\mu + Kc + Spe + e$$

a.2. Idade ao primeiro parto.

$$Y = X\beta + Z\mu + Kc + e$$

O Melhor Estimador Linear não Viesado (BLUE) das funções estimáveis de b e o Melhor Preditor Linear não Viesado (BLUP)

de u , c e pe , nas análises unicaracterística, serão obtidos pelas soluções das seguintes equações do modelo misto (MME):

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \\ \hat{c} \\ \hat{pe} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'K & X'S \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha_1 & Z'K & Z'S \\ K'X & K'Z & K'K + I\alpha_2 & K'S \\ S'X & S'Z & S'K & S'S + I\alpha_3 \end{bmatrix}^{-1} * \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \\ K'Y \\ S'Y \end{bmatrix}$$

Sendo

$$\alpha_1 = \frac{\sigma_e^2}{g_{11}} \quad \alpha_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{lc}^2} \quad \alpha_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{pe}^2}$$

Assume-se nestas análises que:

$$V \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{lc} \\ \mathbf{pe} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{g}_{11}\mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_{lc}^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_{pe}^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Onde

\mathbf{g}_{11} é a variância genética aditiva para efeito direto, σ_{lc}^2 é a variância da linhagem citoplasmática, σ_{pe}^2 é a variância de

ambiente permanente, σ_e^2 é a variância do erro residual e \mathbf{A} é a matriz de parentesco entre os indivíduos.

B. Análise bicaracterística

b.1. Para todas as outras características com exceção da idade ao primeiro parto

$$\begin{bmatrix} \mathbf{Y}_1 \\ \mathbf{Y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \boldsymbol{\mu}_1 \\ \boldsymbol{\mu}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{S}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{S}_2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \mathbf{pe}_1 \\ \mathbf{pe}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

b.2. para a idade ao primeiro parto.

$$\begin{bmatrix} \mathbf{Y}_1 \\ \mathbf{Y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \boldsymbol{\mu}_1 \\ \boldsymbol{\mu}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

Nos modelos em notação matricial

\mathbf{Y} é o vetor de observações das variáveis dependentes (produção total de leite, produção de leite aos 305 dias de lactação, período de lactação, produção de leite/dia de intervalo de partos e intervalo de partos), $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeito fixo (ano e época do parto), $\boldsymbol{\mu}$ é o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos, \mathbf{c} é o vetor dos efeitos

citoplasmáticos, \mathbf{pe} é vetor dos efeitos de meio permanente que atuam sobre os produtos de cada vaca, \mathbf{e} é vetor de efeitos aleatórios residuais e \mathbf{X} , \mathbf{Z} , \mathbf{K} e \mathbf{S} são matrizes de incidência relacionadas, respectivamente, aos efeitos fixos, do animal, citoplasmáticos e de ambiente permanente.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Parâmetros estatísticos descritivos

De um total de 1017 animais, 803 animais tiveram seus DNA mitocondriais identificados, sendo que 646 (80,4%) apresentaram DNA mitocondrial de taurinos e 157 de indicus (19,6%). Este fato corrobora o observado por Meirelles *et al.* (1999), de que a maioria do Zebu nacional, mas explicitamente o Gir e o Nelore, advêm de cruzamentos de touros *Bos taurus indicus* com vacas *Bos taurus taurus*, originárias da Península Ibérica. Segundo os mesmos autores, este fato coloca o Zebu em condição ímpar para o estudo da influência

da herança mitocondrial sobre características de produção, já que ter-se-iam animais distintos quanto ao DNA mitocondrial, mas similares quanto ao nuclear. Contudo, neste estudo, somente houve influência significativa ($P < 0,05$) da origem mitocondrial (*indicus* ou *taurus*) na idade ao primeiro parto (anexo 1), sendo os animais taurinos em média, 30,1 dias mais precoces que os de origem indiana.

O valor médio, o desvio-padrão (DP), o coeficiente de variação (CV) e a amplitude de cada característica são apresentados na Tab. 3

Tabela 3. Valores das estatísticas descritivas básicas.

Características	N	Média	DP	CV	Min	Máx
PT (kg)	3385	2.169,44	857,01	39,50	51,30	6318,90
P305 (kg)	3385	2.118,91	785,76	37,08	51,30	4805,60
PL (dias)	3385	252,55	67,11	26,57	21,00	454,00
IP (dias)	2394	452,46	89,83	19,85	234,00	727,00
PIP (kg)	2394	5,16	2,00	38,72	0,14	13,60
IPP (meses)	618	45,16	8,12	17,99	34,00	150,00

DP = desvio-padrão; CV = coeficiente de variação; min = valor mínimo; máx = valor máximo; PT = produção total de leite, P305= produção de leite até aos 305 dias de lactação, PL = período de lactação, IP = intervalo de partos, PIP = produção de leite por dia de intervalo de partos e IPP = idade ao primeiro parto.

As médias para a produção de leite e período de lactação foram ligeiramente inferiores às obtidas na população base do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro 2007, desenvolvido pela Embrapa Gado de Leite em parceria com ABCGIL (Verneque *et al.*, 2007). Este fato pode ser devido ao grande número de anos envolvidos nas análises, que englobam as produções deste da década de 50, quando ainda havia pouca pressão de seleção e tecnologia empregada, até a atual, com maior pressão de seleção e maior uso de tecnologia. Outro fator que poderia estar levando, conjuntamente ou não ao período de anos, a redução na média de produção é o manejo que vem sendo

empregado na fazenda, exclusivamente a pasto sem qualquer outro fomentador da produção que não a seleção de animais mais produtivos e a suplementação conforme a produção. Quanto às médias de intervalo de partos e idade ao primeiro parto, apesar de elevadas quando comparadas as de animais da raça Holandesa e mestiços (Facó *et al.*, 2005), estiveram abaixo das relatadas atualmente na literatura para a raça Gir (Balieiro *et al.*, 2003). O coeficiente de variação (CV) para produção de leite e idade ao primeiro parto foram superiores aos encontrados na literatura (Balieiro *et al.*, 2003), o que indica a existência de grande variabilidade para essas características nesta

população, a qual pode estar relacionada ao fator genético, ambiental ou mesmo em falhas na escrituração zootécnica que não foram possíveis de serem identificadas na consistência dos dados.

estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos.

Os componentes de variância obtidos por análise unicaracterística são apresentados na Tab. 4.

5.2. Influência citoplasmática sobre a

Tabela 4. Componentes de variância obtidos por análise unicaracterística com os modelos 1 e 2.

Características	modelo	Componentes de variância				
		σ_p^2	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_{lc}^2	σ_e^2
PT (kg)	1	607244,42	158613,63	135960,00	9887,71	302782,70
	2	607651,14	171805,84	133076,00	-	302769,33
P305 (kg)	1	501434,80	137469,47	107884,00	7716,11	248365,09
	2	501441,25	146960,96	106182,00	-	248298,63
PL (dias)	1	4683,36	876,29	922,64	55,13	2829,29
	2	4688,16	953,23	906,05	-	2828,88
IP (dias)	1	7203,66	398,82	842,15	0,02	5962,69
	2	7203,24	399,50	842,41	-	5961,32
PIP (kg)	1	2,69	0,65	0,29	0,00	1,76
	2	2,70	0,65	0,28	-	1,76
IPP (meses)	1	47,20	13,84	-	0,00	33,36
	2	47,19	13,83	-	-	33,37

LC = linhagem citoplasmática; σ_p^2 = variância fenotípica; σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente; σ_{lc}^2 = variância da linhagem citoplasmática; σ_e^2 = variância residual. PT = produção total de leite, P305 = produção de leite até aos 305 dias de lactação, PL = período de lactação, IP = intervalo de partos, PIP = produção de leite por dia de intervalo de partos e IPP = idade ao primeiro parto.

Observou-se na Tab. 4, pequena influência dos efeitos citoplasmáticos sobre as características de produção total, produção até aos 305 dias de lactação e período de lactação, sendo mais incisiva na primeira, enquanto que nas características intervalo de partos, produção por dia de intervalo de partos e idade ao primeiro parto não pareceu influenciar. Apesar da contribuição da linhagem citoplasmática ser pequena, quando comparada com a dos outros

componentes de variância, a sua inclusão nos modelos de análise promoveu alterações na estimação dos demais componentes. As principais alterações observadas foram a redução no componente de variância aditiva direta e discreto aumento no componente de variância de meio permanente.

Os parâmetros genéticos obtidos pelos modelos com e sem a inclusão da linhagem citoplasmática são apresentados na Tab. 5

Tabela 5. Parâmetros genéticos das características obtidos por análises unicaracterística com os modelos 1 e 2.

Características	Modelo	Parâmetros genéticos			
		h_a^2	c^2	lc^2	e^2
PT (kg)	1	0,26	0,22	0,016	0,50
	2	0,28	0,22	-	0,50
P305 (kg)	1	0,27	0,22	0,015	0,50
	2	0,29	0,21	-	0,50
PL (dias)	1	0,19	0,20	0,012	0,60
	2	0,20	0,19	-	0,60
IP (dias)	1	0,06	0,12	0,000	0,83
	2	0,06	0,12	-	0,83
PIP (kg)	1	0,24	0,11	0,002	0,65
	2	0,24	0,11	-	0,65
IPP (meses)	1	0,29	-	0,000	0,71
	2	0,29	-	-	0,71

h_a^2 = herdabilidade direta, c^2 = fração de meio permanente, lc^2 = fração da linhagem citoplasmática e e^2 = fração do resíduo, PT = produção total de leite, P305 = produção de leite até aos 305 dias de lactação, PL = período de lactação, IP = intervalo de partos, PIP = produção de leite por dia de intervalo de partos e IPP = idade ao primeiro parto.

Observa-se na Tab. 5, respectivamente, 1,6%; 1,5% e 1,2% de contribuição da linhagem citoplasmática para as variâncias fenotípicas das características produção total de leite, produção de leite até 305 dias de

lactação e período de lactação, as quais não foram significativas no teste de razão de máxima verossimilhança apresentado na Tab. 6.

Tabela 6. Teste da razão de máxima verossimilhança entre os modelos que incluíam (modelo 1) ou não (modelo 2) a variável de linhagem citoplasmática.

Característica	Modelo 1	Modelo 2	Razão de verossimilhança	Significância (Prob)
PT	46264,78696	46268,22369	-3,44	ns
P305	45617,96552	45621,03234	-3,07	ns
PL	30688,17094	30690,56032	-2,39	ns
IP	22875,45121	22875,45120	0,00	ns
PIP	4501,28954	4501,31901	-0,03	ns
IPP	2796,63222	2796,63222	0,00	ns

* teste de $\chi^2_{1;0,05} = 3,84$; Razão de verossimilhança < 3,84 = não significativo (ns)

PT= produção total de leite, P305= produção de leite até aos 305 dias de lactação, PL = período de lactação, IP = intervalo de partos, PIP = produção por dia de intervalo de partos, IPP= idade ao primeiro parto

Resultados semelhantes foram relatados por Boettcher *et al.*, 1996; Rorato *et al.*, 1998 e Albuquerque *et al.*, 1999, que observaram a contribuição da linhagem citoplasmática variando de 0,38% a 1,6% da variância fenotípica da produção de leite. Estes autores, também a notificaram como não significativa. Quanto às contribuições da linhagem citoplasmática para a variância fenotípica do intervalo de partos e da idade ao primeiro parto, encontrada na literatura (Henkes *et al.*, 2004) somente as da primeira característica se aproximaram à deste estudo. Henkes *et al.*, (2004) observaram contribuição de 15% da linhagem citoplasmática na variância fenotípica da idade ao primeiro parto em bovinos mestiços (3/8 Nelore x 5/8 Aberdeen angus). Estimativas da contribuição da linhagem citoplasmática para período de lactação não foram encontradas na literatura.

Apesar da linhagem citoplasmática não apresentar contribuição estatisticamente significativa ($P < 0,05$), as alterações ocasionadas pela sua inclusão ao modelo promoveram, pela redução do componente aditivo direto, herdabilidades diretas mais baixas para as características de produção total de leite, produção de leite até 305 dias de lactação e período de lactação. O aumento no componente de ambiente permanente não foi suficiente para redundar em aumento em sua fração na variação fenotípica.

Boettcher *et al.* (1996) e Pelicioni e Queiróz (2001) já haviam mencionado a ocorrência dessas alterações nos componentes de variância e da importância de se incluir a linhagem citoplasmática nos modelos de avaliação para melhor partição da variância fenotípica. Pelicioni e Queiróz (2001) concluíram, observando as mesmas alterações aqui identificadas, que apesar da linhagem citoplasmática não apresentar efeito significativo a sua inclusão nos modelos de avaliação poderia ser justificada por proporcionar melhor ajuste nos dados,

explicando melhor a variância e propiciando estimativas mais fidedignas dos parâmetros genéticos.

Os valores de herdabilidades diretas observadas neste estudo corroboram os já relatados por outros autores para essas mesmas características na raça Gir (Wenceslau *et al.*, 2000; Balieiro *et al.*, 2003; Verneque *et al.*, 2007), exceto com o valor de 0,56, relatado por Wenceslau *et al.*, (2000) para a idade ao primeiro parto. Todas as características, exceto intervalo de partos, apresentaram herdabilidades diretas moderadas a altas, indicativas de futuros ganhos genéticos pela seleção. O intervalo de partos apresentou baixa herdabilidade, sugerindo que intervenções nos manejos promoveriam melhores ganhos do que a seleção de animais geneticamente superiores.

Adicionalmente, as estimativas moderadas observadas para as frações de meio permanente, indicam que pela melhoria do manejo sanitário, da lida, das instalações e ou de outras fontes que fomentam esse componente, poder-se-ia diminuir sua influência nestas características. Com isso, inflacionar-se-iam as estimativas do componente genético direto e, conseqüentemente, as herdabilidades diretas, propiciando maior acurácia nas estimativas dos valores genéticos, possibilitando maiores ganhos genéticos potenciais.

5.3. Influência citoplasmática sobre a ordenação e seleção dos animais segundo seus valores genéticos.

A fim de se avaliar as conseqüências que as alterações promovidas nos parâmetros genéticos pela inclusão da linhagem citoplasmática propiciaria na ordenação final dos animais, foram realizados cálculos de correlação de posto de Spearman entre os dois conjuntos de valores genéticos preditos pelos modelos 1 e 2. Os valores das correlações são apresentados na Tab. 7.

Tabela 7. Valores das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos sob os modelos que incluíam (modelo 1) ou não (modelo 2) a variável linhagem citoplasmática.

Coeficientes de correlação de Spearman		MODELO 1					
		PT	P305	PL	IP	PIP	IPP
MODELO 2	PT	0,98968	*	*	*	*	*
	P305	*	0,99140	*	*	*	*
	PL	*	*	0,99080	*	*	*
	IP	*	*	*	1,000	*	*
	PIP	*	*	*	*	0,99976	*
	IPP	*	*	*	*	*	1,000

PT= produção total de leite, P305= produção de leite até aos 305 dias de lactação, PL = período de lactação, IP = intervalo de partos, PIP = produção por dia de intervalo de partos, IPP= idade ao primeiro parto.

Observa-se na Tab. 7 que os valores de correlação de posto de Spearman entre os valores genéticos dos dois modelos foram muito próximos à unidade, mostrando que, apesar das diferenças entre os dois conjuntos de valores genéticos, houve poucas modificações na ordenação e, conseqüentemente, na seleção dos animais quanto ao seu mérito genético.

Tendências genéticas, obtidas pelos modelos 1 e 2, e fenotípica de cada característica foram estimadas pela regressão das médias dos valores genéticos e fenotípico sobre ano de nascimento (Figs. 1-6). As estimativas dos ganhos genéticos e fenotípicos, com seus respectivos erros-padrão, estão listadas na Tab. 8.

5.4. Influência citoplasmática sobre as tendências genéticas e fenotípicas.

Tabela 8. Estimativas das tendências genéticas (modelos 1 e 2) e fenotípicas no período de 1953 a 2002.

Características	Tendência Genética				Tendência Fenotípica
	Modelo 1		Modelo 2		
PT (kg)	6,027***	± 0,673	6,360***	± 0,717	12,52*** ± 2,52
P305 (kg)	5,657***	± 0,649	5,922***	± 0,678	10,21*** ± 2,41
PL (dias)	0,413***	± 0,060	0,438***	± 0,060	0,28 ^{ns} ± 0,15
IP (dias)	-0,014 ^{ns}	± 0,028	-0,014 ^{ns}	± 0,028	0,92** ± 0,22
PIP (kg)	0,007***	± 0,001	0,007***	± 0,001	0,04*** ± 0,007
IPP (meses)	0,0003 ^{ns}	± 0,011	0,0003 ^{ns}	± 0,011	0,11 ^{ns} ± 0,06

* (P<0,05); ** (P<0,001); *** (P<0,0001); ns = não significativo.

PT= produção total de leite, P305 = produção até aos 305 dias de lactação; PL = período de lactação; IP= intervalo de partos; PIP = produção de leite por dia de intervalo de partos; IPP = idade ao primeiro parto.

Observa-se que, independente do modelo, os maiores ganhos genéticos anuais foram obtidos nas características que envolviam a produção de leite, possivelmente por ser a característica de maior ênfase no programa de seleção do Gir Leiteiro nacional. A produção total de leite e a produção de leite até aos 305 dias de lactação tiveram, aproximadamente, o mesmo ganho (0,27%) por ano. Já o período de lactação e a produção de leite por dia de intervalo de partos tiveram ganhos menores, de 0,16% e 0,15% por ano, e as características relacionadas à eficiência reprodutiva não apresentaram ganho, evidenciando pouca ênfase dada a essas características nos programas de seleção. Entretanto, quando se coteja os ganhos observados neste estudo com os relatados na literatura (Balieiro *et al.*, 1999; Balieiro *et al.*, 2000), verifica-se que estes ainda podem ser otimizados.

Observa-se, ponderando as tendências genéticas pelos respectivos desvios padrão

genético das características, que houve muito pouco viés entre as tendências obtidas pelos dois modelos (Tab. 8 e Figs. 1-6). Entre as características que apresentaram maior viés estão a produção total de leite e período de lactação, enquanto que nas relacionadas a eficiência reprodutiva não houve. Pode-se conjecturar que embora os desvios tenham sido desprezíveis nesta escala de ganho, com o aumento nos ganhos estes se tornar relevantes, entretanto neste estudo não foi identificado desvios significativos entre as tendências genéticas.

Nas Fig. 1 a 6, são apresentadas as tendências genéticas e fenotípicas das características estudadas.

Observa-se pelos valores dos ganhos genéticos, fenotípicos e das herdabilidades diretas (Tab. 8), assim como, pelas tendências (Figs. 1-6), que houve, proporcionalmente, maior ganho genético que fenotípico para período de lactação e produções total e ajustada de leite.

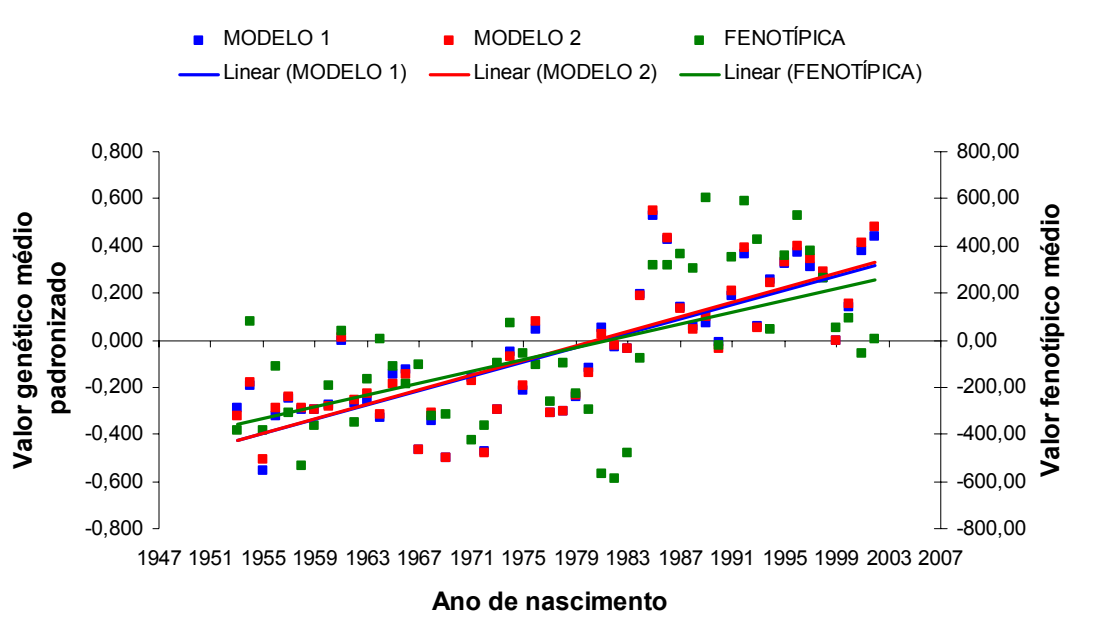


Figura 1. Tendências genéticas, previstas por cada modelo e ponderadas pelo respectivo desvio padrão genético, e fenotípica da característica produção total média de leite segundo o ano de nascimento da vaca no período de 1953 a 2002.

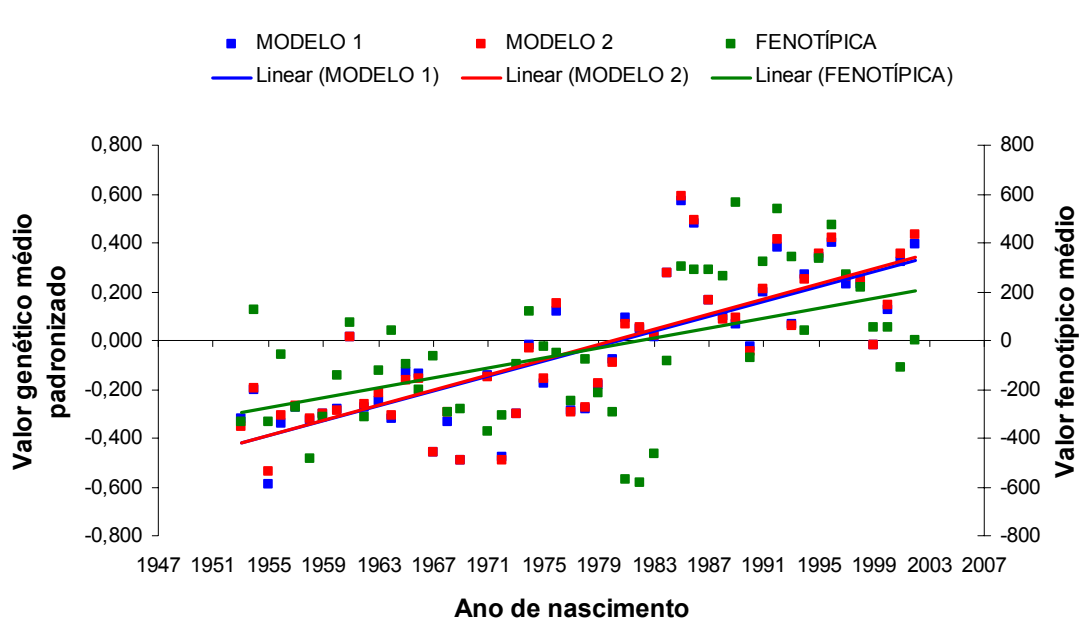


Figura 2. Tendências genéticas, previstas por cada modelo e ponderadas pelo respectivo desvio padrão genético, e fenotípica da característica produção média de leite até os 305 dias de lactação segundo o ano de nascimento da vaca no período de 1953 a 2002.

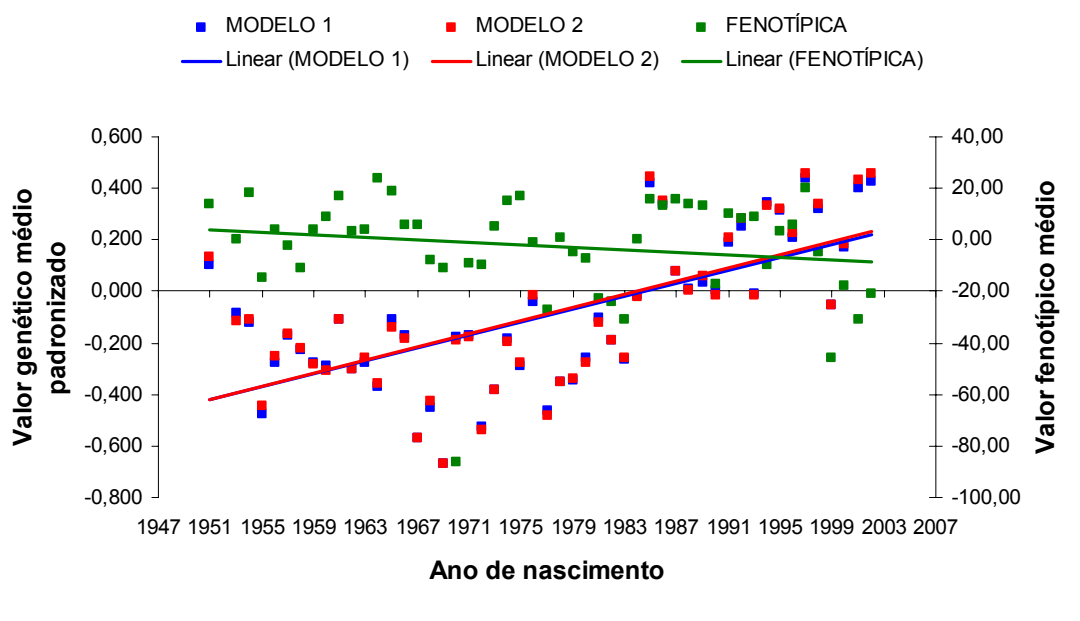


Figura 3. Tendências genéticas, previstas por cada modelo e ponderadas pelo respectivo desvio padrão genético, e fenotípica da característica período médio de lactação segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2002.

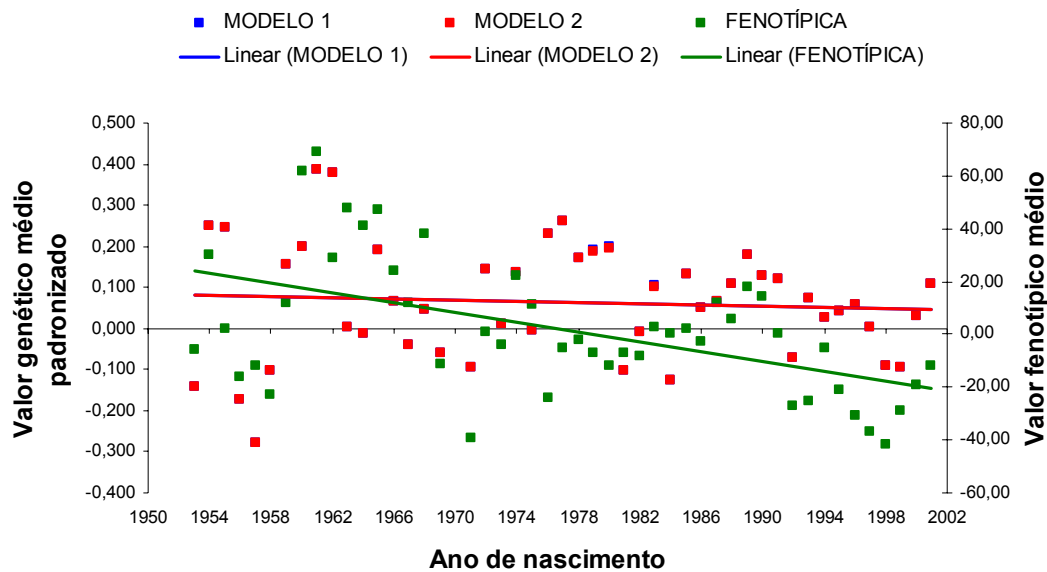


Figura 4. Tendências genéticas, previstas por cada modelo e ponderadas pelo respectivo desvio padrão genético, e fenotípica da característica intervalo médio de partos segundo o ano de nascimento da vaca, no período de 1953 a 2002.

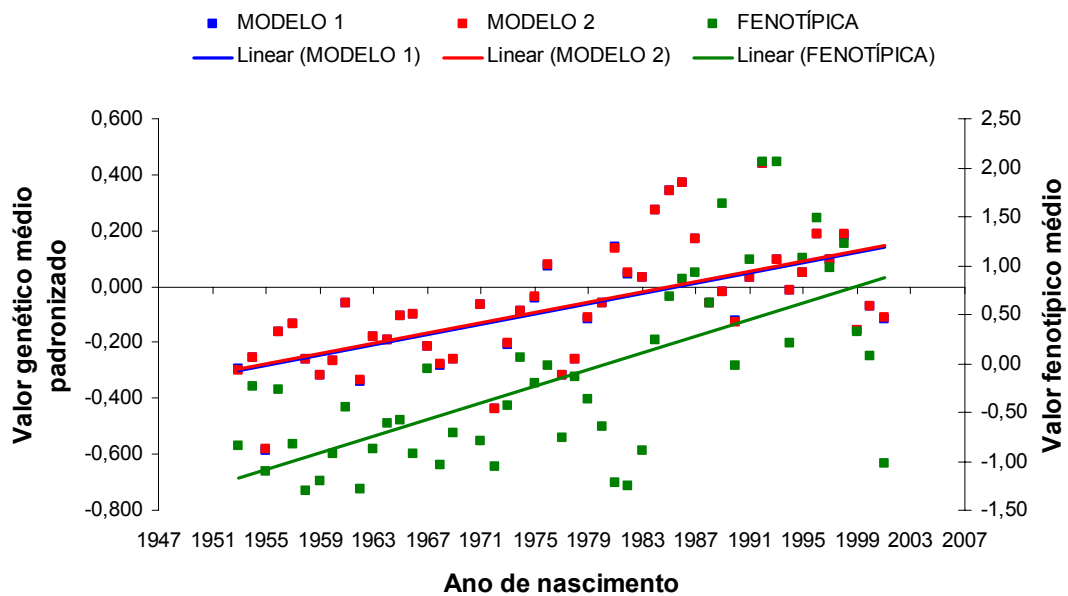


Figura 5. Tendências genéticas, previstas por cada modelo e ponderadas pelo respectivo desvio padrão genético, e fenotípica da característica produção média de leite por dia de intervalo entre partos segundo o ano de nascimento da vaca no período de 1953 a 2002.

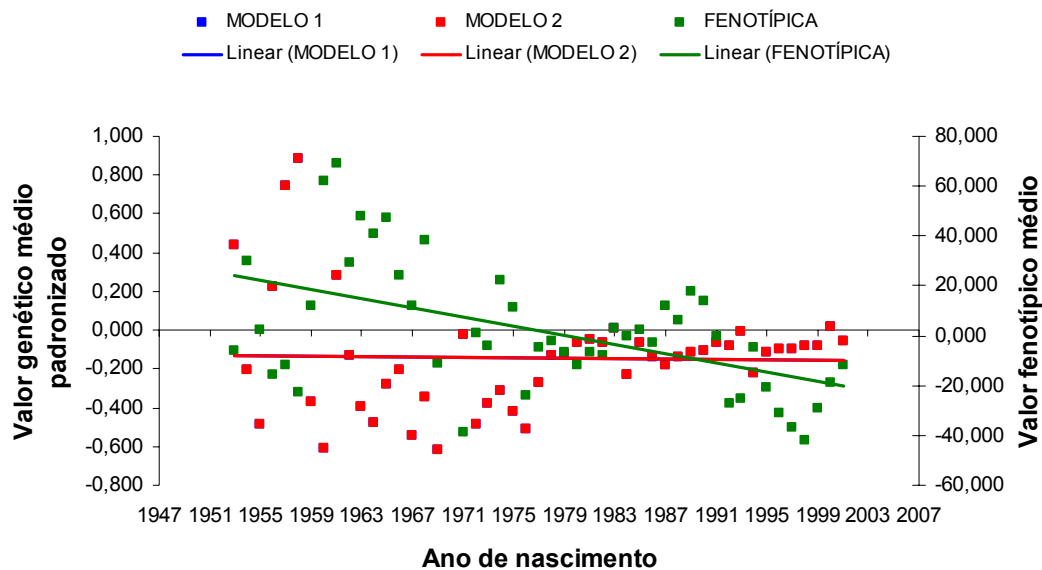


Figura 6. Tendências genéticas, previstas por cada modelo e ponderadas pelo respectivo desvio padrão genético, e fenotípica da característica idade média ao primeiro parto segundo o ano de nascimento da vaca no período de 1953 a 2002.

Aparentemente, parece que a contribuição do ambiente não favoreceu o potencial genético existente, reduzindo o ganho fenotípico. No período de lactação, observa-se o fator ambiental sobrepujando o genético para uma tendência fenotípica negativa. Nestas condições, possíveis ganhos podem ser obtidos apenas pela adequação do sistema ou ambiente a potencialidade genética dos animais. Na idade ao primeiro parto, intervalo de partos e produção de leite por dia de intervalo de partos, a influência ambiental foi decisiva na tendência fenotípica. Nesta última, possivelmente, em decorrência de sua associação com o intervalo de partos.

5.5. Estimativas das correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre as características.

As correlações genéticas, fenotípicas e ambientais entre características foram obtidas a partir de análises bicaracterísticas. Os resultados se encontram nas Tabs. 9 e 10.

Observa-se na Tab. 9 que houve desvios nas estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos das análises uni e bicaracterísticas. As principais alterações foram, na maioria das vezes, reduções das estimativas dos componentes de variância dos meios temporário e permanente, com concomitante aumento nas dos componentes genéticos diretos, propiciando estimativas mais altas de herdabilidades diretas. Contudo, observou-se em algumas situações, redução do meio temporário, porém com aumento do componente de meio permanente e, mais raramente, redução no componente genético direto com aumento nos componentes de meio.

A redução na variância de meio temporário ocorreu, principalmente, nas análises que envolviam as características intervalo de partos e produção de leite por dia de intervalo de partos, o que é explicável diante da grande influência ambiental sobre o intervalo de partos, que parece ser melhor

compreendida quando esta característica é analisada junto com outra com maior número de observações.

Já a redução na variância de meio permanente foi observada nas análises que envolveram a característica idade ao

primeiro parto, o que também se explica por esta não apresentar tal componente em sua variância fenotípica, o que levou a um aumento de observações na análise bicaracterística sem, contudo, adicionar efeito de meio permanente.

Tabela 9. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos obtidos em análise uni e bicaracterística.

Características e Análises	Componentes e Parâmetros Genéticos						
	σ_p^2	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	h_a^2	c^2	e^2
P305	501441,25	146960,96	106182,00	248298,63	0,29	0,21	0,50
P305 vs PL	501196,16	147131,23	105071,00	248993,76	0,29	0,21	0,50
P305 vs IP	503700,97	148541,40	107050,00	248109,66	0,29	0,21	0,49
P305 vs PIP	504274,21	151688,97	104260,00	248324,75	0,30	0,21	0,49
P305 vs IPP	535164,58	159446,36	92372,50	283345,73	0,30	0,17	0,53
PL	4688,16	953,23	906,05	2828,88	0,20	0,19	0,60
PL vs P305	4657,09	902,98	912,34	2841,77	0,19	0,20	0,61
PL vs IP	4703,48	985,55	885,77	2832,16	0,21	0,19	0,60
PL vs PIP	4677,57	912,49	931,55	2833,53	0,20	0,20	0,61
PL vs IPP	5054,50	950,93	928,29	3175,28	0,19	0,18	0,63
IPP	47,19	13,83	-	33,37	0,29	-	0,71
IPP vs P305	47,37	14,42	-	32,95	0,30	-	0,70
IPP vs PL	47,16	13,75	-	33,41	0,29	-	0,71
IPP vs IP	47,18	13,74	-	33,43	0,29	-	0,71
IPP vs PIP	47,25	13,97	-	33,27	0,30	-	0,70
IP	7203,24	399,50	842,41	5961,32	0,06	0,12	0,83
IP vs P305	7351,05	485,95	961,26	5903,84	0,07	0,13	0,80
IP vs PL	7463,55	522,08	990,30	5951,17	0,07	0,13	0,80
IP vs PIP	7296,05	405,03	1017,87	5873,14	0,06	0,14	0,80
IP vs IPP	6924,46	335,30	496,57	6092,58	0,05	0,07	0,88
PIP	2,70	0,65	0,28	1,76	0,24	0,11	0,65
PIP vs P305	3,12	0,91	0,33	1,88	0,29	0,10	0,60
PIP vs PL	2,98	0,78	0,37	1,83	0,26	0,13	0,61
PIP vs IP	2,80	0,78	0,30	1,72	0,28	0,11	0,61
PIP vs IPP	3,11	0,88	0,20	2,03	0,28	0,06	0,65

σ_p^2 = variância fenotípica; σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente; σ_e^2 = variância residual, h_a^2 = herdabilidade direta, c^2 = fração de meio permanente e e^2 = fração do resíduo.

Na Tab. 10 são mostrados os valores das correlações genéticas, de ambiente

temporário e permanente entre as características.

Tabela 10. Correlações genéticas e de ambiente temporário (permanente) entre características de produção e reprodução.

Correlações		Genéticas				
		P305	PL	IP	IPP	PIP
Ambientais	P305	*	0,97	0,42	-0,24	0,97
	PL	0,76 (0,88)	*	0,43	-0,09	0,93
	IP	0,14 (0,81)	0,26 (0,85)	*	0,61	0,02
	IPP	-0,05	-0,02	-0,22	*	-0,24
	PIP	0,82 (0,97)	0,59 (0,82)	-0,43 (0,77)	0,03	*

PT= produção total de leite, P305= produção de leite até aos 305 dias de lactação, PL = período de lactação, IP = intervalo de partos, PIP = produção por dia de intervalo de partos, IPP= idade ao primeiro parto.

Vê-se na Tab. 10 que, as correlações genéticas mais altas são observadas entre as características do mesmo grupo, seja produção ou reprodução, indicando que ganhos simultâneos podem ser alcançados dentro destes grupos, quando se seleciona para uma ou outra característica. Já, quando se observa as correlações entre características de grupos distintos, estas foram de moderadas a baixas, indicando que pouco ganho será obtido em uma característica quando se seleciona para a outra. Faz-se, então, necessária a inclusão de ambos os tipos de características nos índices de seleção, para se obter progresso genético mútuo. Não obstante, os valores moderados das correlações genéticas entre as características de produção e intervalo de partos, mostram que a seleção para produção levaria a intervalos de partos maiores. Valores semelhantes aos deste estudo foram relatados por Balieiro *et al.* (2003), enquanto que Wenceslau *et al.* (2000) encontraram resultado contraditório quando consideraram a correlação genética entre a produção de leite e idade ao primeiro parto.

As correlações de ambientes temporários foram mais altas entre as características de produção, enquanto que entre as de reprodução e as de grupos distintos foram baixas, mais uma vez confirmando a

interdependência entre estas. Já as correlações de ambientes permanentes foram altas em todas as combinações de características, sugerindo que, partindo da pressuposição que o fenótipo destas características é resultante da soma das expressões celulares de diferentes tecidos e sistemas, como é o caso da pele e anexos para produção de leite; sistema reprodutor para o intervalo de partos; sistema músculo-esquelético e reprodutor para idade à puberdade e sistema endócrino, como regulador em todas elas, provavelmente, o efeito permanente de ambiente se origine de causas sistêmicas ao invés de locais.

6. CONCLUSÕES

A origem mitocondrial, *indicus* ou *taurus*, considerada como efeito fixo no modelo de análise, foi estatisticamente significativa ($p < 0,05$) apenas para a variação da idade ao primeiro parto, sendo, portanto, necessária na formação dos grupos de contemporâneo para essa característica.

O efeito atribuído à linhagem citoplasmática, identificado como as fêmeas fundadoras do rebanho e considerado como aleatório não correlacionado ao efeito genético aditivo direto, não contribuiu significativamente ($P > 0,05$) para a variância

fenotípica de quaisquer das características consideradas nesse estudo, não sendo, portanto, necessária a sua inclusão nos modelos de avaliação.

As estimativas moderadas a altas de herdabilidades indicam que ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção em todas as características, exceto o intervalo de partos, para a qual a melhoria do ambiente se apresenta como melhor estratégia para maior e mais rápida obtenção de ganhos.

As correlações genéticas foram mais altas entre características de mesmo grupo, seja de produção ou reprodução, e mais baixas quando se correlacionavam características de grupos diferentes, evidenciando a importância de se considerar ambos os grupos de características nos programas de seleção.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L. G.; KEOWN, J. F.; VAN VLECK, L. D. Variances of direct genetic effects, maternal genetics effects, and cytoplasmic inheritance effects for milk yield, fat yield, and fat percentage. *J. Dairy Sci.*, v. 81, n. 2, p. 544-549, 1998.
- ALENCAR, M. M.; LIMA, R.; BARBOSA, P. F. *et al.* Efeitos da linhagem citoplasmática sobre características de crescimento em bovinos da raça Canchim. *Rev. Bras. Zootec.*, v.27, n.2, p. 272-276, 1998.
- ALENCAR, M. M.; LIMA, R.; BARBOSA, P. F. Herança citoplasmática de pesos de bovinos Canchim. *Rev. Bras. Genet.*, v.16, n.3, p.390, 1993.
- BALIEIRO, E.S.; PEREIRA, J.C.C.; VALENTE, J.; *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos e de tendências fenotípica, genética e de ambiente de algumas características produtivas da raça Gir Leiteiro. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.52 n.3, p. 266-275, 2000.
- BALIEIRO, E.S.; PEREIRA, J.C.C.; VERNEQUE, R.S.; *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos e de tendência fenotípica, genética e de ambiente de algumas características reprodutivas na raça Gir. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.51, n.4, p. 371-376, 1999.
- BALIEIRO, E.S.; PEREIRA, J.C.C.; VERNEQUE, R. S.; *et al.* Estimativas de herdabilidade e correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre algumas características reprodutivas e produção de leite na raça Gir. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* v.55, n.1, p. 85-91, 2003
- BELL, B. R., MC DANIEL, B. T., ROBISON, O. W. Effects of cytoplasmic inheritance on production traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, v.68, n.8, p. 2038-2051, 1985.
- BOETTCHER, P. J., KUHN, M. T., FREEMAN, A. E. Impacts of cytoplasmic inheritance on genetic evaluations. *J. Dairy Sci.* v.79, n.4, p. 663-675, 1996b
- BOETTCHER, P. J.; STEVERINK, D.W.B; BEITZ, D.C. *et al.* Multiple herd evaluation of the effects of maternal lineage on yield traits of Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, v.79, n.4, p. 665-662, 1996a
- CUMMINS, J. Mitochondrial DNA in mammalian reproduction. *Rev. Repr.*, v.3, n.3, p. 172-182, 1998.
- FACÓ, O.; LOBO, R. N. B.; MARTINS FILHO, R. Idade ao primeiro parto e intervalo de partos de cinco grupos genéticos holandês x gir no Brasil. *R. Bras. Zootec.*, v.34, n.6, p.1920-1926, 2005.
- FERNANDES, L. O.; LEDIC, I. L.; FERREIRA, M. B. D. *et al.* Produção de leite: Uma atividade economicamente viável com o Gir leiteiro. *Revista Gir Leiteiro*, ano 6, n.6, p. 72-80, 2006.
- GIBSON, J. P., FREEMAN, A. E., BOETTCHER, P. J. Cytoplasmic and mitochondrial inheritance of economic traits in cattle. *Liv. Prod. Sci.*, v.47, n.2, p. 115-124, 1997.

- GRIFFITHS, A. J. F.; MILLER, J. H.; SUZUKI, D.T.; *et al.* Genes extranucleares. In: _ . Introdução a Genética. 7 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan S.A., 2002, 21, 583-604.
- GUNSKI, R. J. *Efeito mitocondrial sobre características de crescimento na raça Nelore.*, 2001. 67 f. Tese (Doutorado em Ciências) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP.
- GYLLENSTEN, U.B.; WHARTON, D.; WILSON, A.C. Maternal inheritance of mitochondrial DNA during backcrossing of two species of mice. *J. Heredity*, v.76, n. 5, p. 321-324. 1985.
- HECHT, N.B.; LIEM, H.; KLEENE, K.C.; DISTEL, R.J.; HO, S.M. Maternal inheritance of the mouse mitochondrial genome is not mediated by a loss or gross alteration of the paternal mitochondrial DNA or by methylation of the oocyte mitochondrial DNA. *Develop. Biol.*, v.102, n. 2, p. 452-461. 1984.
- HENKES, L. E.; BENAVIDES, M. V.; OLIVEIRA, J. F. C.; *et al.* Maternal inheritance on reproductive traits in Brangus-Ibagé cattle. *Ciência Rural*, v. 34, n. 4, p. 1163-1167, 2004.
- HOHENBOKEN, W.D. Maternal effects. In: CHAPMAN, A.B. *World Animal Science 44: general and quantitative genetic.* Amsterdam: Elsevier, 1985. p. 135-149.
- HUIZINGA, H. A.; KORVER, S.; MC DANIEL, B. T. *et al.* Maternal effects due to cytoplasmic inheritance in dairy cattle. Influence on milk production and reproduction traits. *Livestock Production Science*. V.15, n. 1, p. 11-26, 1986.
- KENNEDY, B. W. A further look at evidence for cytoplasmic inheritance of production traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, v.69, n.12, p. 3100-3105, 1986.
- LEDIC, I.L.; FERNANDES, L.O.; VERNEQUE, R.S.; *et al.* O Gir Leiteiro da Fazenda Experimental Getúlio Vargas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2004 28p. (Série Documentos, 40).
- MEIRELLES, F.V.; ROSA, A.J.M.; LÔBO, R.B. *et al.* Is the american zebu really *Bos indicus*? *Genet. Mol. Biol.* v.22, n.4, p. 543-546, 1999.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.*, v.38, n. 1,2, p. 91-105, 1992.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.*, v.38, n. 1-2, p. 91-105, 1992.
- MOURÃO, G. B.; FIGUEIREDO, E. C.; MATOS, E. C.; *et al.* LINMAT – A maternal and cytoplasmic line identification software. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte, ANAIS...BH: 8WCGALP, 2006, P. 251.
- OLIVEIRA, P.Q. Análise genética dos efeitos de linhagem materna em um rebanho Nelore. 2005, 90 f. , Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP.
- PELICIONI, L. C.; QUEIRÓZ, S. A. Efeito da linhagem citoplasmática sobre a produção de leite em bovinos da raça Caracu. *Rev. Bras. Zootec.*, v.30, n.1, p. 109-114, 2001a.
- PELICIONI, L. C.; QUEIRÓZ, S. A. Efeito da linhagem citoplasmática sobre o peso ao nascer e o ganho médio diário na pré-desmama em bovinos da raça Caracu. *Rev. Bras. Zootec.*, v.30, n.1, p. 101-108, 2001b.
- RORATO, P. R. N.; KEOWN, J. F.; VAN VLECK, L. D. Variance caused by cytoplasmic line and sire by herd interaction effects for milk yield considering estimation bias. *J. Dairy Sci.*, v. 82, n. 7, p. 1574-1580, 1999.
- SCHUTZ, M. M.; FREEMAN, A. E.;

- BEITZ, D. C. *et al.* The importance of maternal lineage on milk yield traits of dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, v.75, n.5, p. 1331-1341, 1992.
- SCHUTZ, M.M.; FREEMAN, A. E.; LINDERG, G. L.; *et al.* Effects of maternal lineages grouped by mitochondrial genotypes on milk yield and composition. *J. Dairy Sci.*, v. 76, n.2, p. 621-629, 1993.
- SOUTHWOOD, O.I.; KENNEDY, B.W.; MEYER, K.; *et al.* Estimation of additive maternal and cytoplasmic genetic variances in animal models. *J. Dairy Sci.*, v. 72, n.11, p. 3006-3012, 1989.
- TESS, M. W.; REODECHA, C.; ROBISON, O. W. Cytoplasmic genetics effects on preweaning growth and milk yield in Hereford cattle. *J. Anim. Sci.*, v.65, n. 3, p. 675-684, 1987.
- TESS, M.W.; ROBINSON, O.W. Evaluation of cytoplasmic genetic effects in beef cattle using an animal model. *J. Anim. Sci.* v.68, n.7, p. 1899-1909. 1990.
- USER'S GUIDE: statistics. Cary, NC: SAS Institute, 1995.
- VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; SILVA, M.V.G.B. *et al.* Programa nacional de melhoramento do Gir Leiteiro: Sumário brasileiro de touros. Resultados do teste de progênie - Maio 2007. Juiz de Fora: Embrapa Gado de leite, 2007. 56p.
- WENCESLAU, A. A.; LOPES, P. S.; TEODORO, R. L. Estimação de parâmetros genéticos de medidas de conformação, produção de leite e idade ao primeiro parto em vacas da raça Gir Leiteiro. *Rev. Bras. Zootec.*, v.29, n. 1, p. 153-158, 2000.

Anexo 1. Valores genéticos padronizados (VGp*), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (class) até trigésimo terceiro no rank dos valores obtidos pelo modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (conf) para a produção total de leite.

Animal	Ano de nascimento	Modelo 1			Modelo 2		
		VG	Class	Conf	VG	Class	Conf
4482	1996	2,250	1	0,75	2,482	1	0,77
4491	1992	2,243	3	0,77	2,459	2	0,79
5248	1998	2,246	2	0,68	2,348	3	0,70
5093	1996	1,989	6	0,72	2,179	4	0,75
5359	1991	2,145	4	0,74	2,147	5	0,76
4052	1993	2,116	5	0,73	2,144	6	0,75
4798	1993	1,792	12	0,72	2,028	7	0,74
5068	1997	1,872	10	0,70	1,987	8	0,72
5086	1993	1,866	11	0,73	1,950	9	0,75
5354	1995	1,955	7	0,73	1,936	10	0,76
4494	1994	1,723	15	0,74	1,927	11	0,76
5274	2000	1,730	14	0,68	1,894	12	0,70
4807	1990	1,653	22	0,68	1,890	13	0,70
5273	1999	1,893	8	0,66	1,889	14	0,69
5383	2001	1,741	13	0,67	1,844	15	0,69
5107	2001	1,699	18	0,62	1,842	16	0,64
4816	1995	1,689	19	0,73	1,792	17	0,75
5077	1993	1,656	21	0,76	1,782	18	0,79
4853	2002	1,561	26	0,63	1,721	19	0,65
4448	1995	1,701	17	0,74	1,704	20	0,76
5225	1993	1,875	9	0,77	1,701	21	0,79
5184	1987	1,684	20	0,70	1,677	22	0,73
4847	2001	1,483	37	0,65	1,673	23	0,67
4512	2000	1,649	23	0,71	1,664	24	0,73
4450	1995	1,588	24	0,74	1,655	25	0,76
21	.	1,711	16	0,87	1,648	26	0,88
3588	1985	1,565	25	0,78	1,634	27	0,81
5386	1999	1,496	34	0,72	1,610	28	0,74
5392	1997	1,415	45	0,53	1,596	29	0,55
152	.	1,536	28	0,53	1,587	30	0,54
4766	1995	1,420	44	0,71	1,585	31	0,73
4789	1992	1,505	33	0,77	1,585	32	0,80
4051	1991	1,319	54	0,75	1,578	33	0,78

* VGp = Valor genético/ σ_a

Anexo 2. Valores genéticos padronizados (VGp*), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo terceiro no rank dos valores obtidos pelo modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (Conf) para a produção de leite até aos 305 dias de lactação.

Animal	Ano de nascimento	Modelo 1			Modelo 2		
		VGp*	Class	Conf	VGp*	Class	Conf
4491	1992	2,036	2	0,78	2,230	1	0,80
4482	1996	1,954	7	0,76	2,156	2	0,78
5248	1998	2,000	3	0,69	2,070	3	0,71
5273	1999	2,039	1	0,67	2,036	4	0,69
4052	1993	1,972	5	0,74	1,992	5	0,76
5359	1991	1,998	4	0,75	1,990	6	0,77
4798	1993	1,754	10	0,73	1,963	7	0,75
5354	1995	1,965	6	0,74	1,952	8	0,76
5086	1993	1,845	9	0,74	1,936	9	0,76
4816	1995	1,697	11	0,74	1,798	10	0,76
5093	1996	1,632	16	0,74	1,798	11	0,75
4494	1994	1,598	21	0,75	1,781	12	0,77
5225	1993	1,912	8	0,78	1,750	13	0,80
5107	2001	1,622	18	0,63	1,747	14	0,65
4789	1992	1,649	14	0,78	1,735	15	0,80
3588	1985	1,646	15	0,79	1,733	16	0,82
5077	1993	1,596	22	0,77	1,704	17	0,80
5274	2000	1,550	26	0,69	1,698	18	0,70
4853	2002	1,547	27	0,64	1,697	19	0,66
5293	1998	1,650	13	0,70	1,676	20	0,71
4807	1990	1,459	33	0,69	1,670	21	0,71
4450	1995	1,580	24	0,75	1,649	22	0,77
5041	1986	1,566	25	0,78	1,642	23	0,80
5383	2001	1,541	29	0,68	1,633	24	0,70
4448	1995	1,592	23	0,75	1,612	25	0,77
21	*	1,622	17	0,88	1,570	26	0,88
5392	1997	1,399	44	0,54	1,560	27	0,55
5039	1996	1,535	30	0,68	1,546	28	0,70
4969	1988	1,654	12	0,74	1,543	29	0,76
4044	1986	1,370	48	0,77	1,537	30	0,80
4043	1989	1,419	39	0,77	1,531	31	0,79
3447	1961	1,377	47	0,77	1,511	32	0,81
4512	2000	1,492	32	0,72	1,503	33	0,74

* VGp = Valor genético/ σ_a

Anexo 3. Valores genéticos padronizados (VGp*), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo quarto no rank dos valores obtidos pelo modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (Conf) para o período de lactação.

Animal	Ano de nascimento	Modelo 1			Modelo 2		
		VGp*	Class	Conf	VGp*	Class	Conf
4491	1992	1,935	1	0,73	2,091	1	0,75
4482	1996	1,794	4	0,71	1,958	2	0,73
5248	1998	1,857	3	0,62	1,906	3	0,65
4450	1995	1,766	6	0,70	1,840	4	0,72
21	*	1,890	2	0,84	1,826	5	0,85
4448	1995	1,774	5	0,70	1,808	6	0,72
4494	1994	1,587	10	0,70	1,728	7	0,72
5068	1997	1,625	8	0,66	1,667	8	0,68
5107	2001	1,546	14	0,56	1,664	9	0,58
4052	1993	1,624	9	0,68	1,663	10	0,71
4807	1990	1,481	16	0,62	1,660	11	0,65
4526	2000	1,560	13	0,64	1,637	12	0,66
5359	1991	1,575	11	0,69	1,621	13	0,72
5354	1995	1,634	7	0,69	1,612	14	0,71
5184	1987	1,543	15	0,65	1,597	15	0,68
5077	1993	1,463	19	0,72	1,589	16	0,75
3690	1997	1,573	12	0,66	1,565	17	0,68
4877	2001	1,422	21	0,61	1,562	18	0,63
5345	1992	1,472	18	0,70	1,549	19	0,72
4798	1993	1,357	28	0,67	1,539	20	0,70
5086	1993	1,444	20	0,68	1,509	21	0,70
4512	2000	1,478	17	0,66	1,507	22	0,68
4847	2001	1,357	27	0,60	1,502	23	0,62
5093	1996	1,363	25	0,68	1,496	24	0,70
4888	1998	1,321	30	0,57	1,434	25	0,59
5294	1999	1,362	26	0,62	1,414	26	0,64
5273	1999	1,391	23	0,61	1,396	27	0,63
4051	1991	1,192	49	0,71	1,385	28	0,74
5392	1997	1,261	36	0,49	1,381	29	0,50
5274	2000	1,249	38	0,62	1,370	30	0,64
3588	1985	1,239	42	0,74	1,364	31	0,78
152	*	1,310	31	0,49	1,362	32	0,50
5431	2001	1,276	34	0,44	1,360	33	0,45

* VGp = Valor genético/ σ_a

Anexo 4. Valores genéticos padronizados (VGp*), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo quarto no rank segundo o modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (Conf) para o intervalo de partos.

Animal	Ano de nascimento	Modelo 1			Modelo 2		
		VGp*	Class	Conf	VGp*	Class	Conf
3447	1961	1,573	1	0.56	1,573	1	0.56
3254	1958	1,555	2	0.57	1,555	2	0.57
5184	1987	1,550	3	0.44	1,551	3	0.44
3511	1962	1,536	4	0.44	1,536	4	0.44
3456	1963	1,511	5	0.51	1,511	5	0.51
4777	1995	1,479	6	0.47	1,480	6	0.47
4581	1982	1,413	7	0.49	1,413	7	0.49
5005	1983	1,246	8	0.48	1,247	8	0.48
4330	1977	1,211	10	0.52	1,211	9	0.52
4366	1974	1,211	9	0.61	1,211	10	0.61
4374	1980	1,204	11	0.51	1,204	11	0.51
3947	1980	1,200	12	0.50	1,200	12	0.50
3452	1962	1,195	13	0.40	1,196	13	0.40
4203	1974	1,193	14	0.41	1,193	14	0.41
2170	1960	1,179	15	0.52	1,179	15	0.52
3672	1989	1,173	16	0.46	1,173	16	0.46
3478	1979	1,164	17	0.43	1,164	17	0.43
4217	1971	1,155	18	0.42	1,155	18	0.42
3449	1962	1,146	19	0.38	1,146	19	0.38
2099	1954	1,143	20	0.47	1,143	20	0.47
4801	1988	1,132	21	0.52	1,133	21	0.52
3770	1961	1,069	22	0.36	1,069	22	0.36
1663	1954	1,060	23	0.54	1,060	23	0.54
2316	1968	1,051	24	0.61	1,051	24	0.61
3451	1962	1,047	25	0.39	1,048	25	0.39
4370	1973	1,041	26	0.52	1,041	26	0.52
2936	1959	1,036	27	0.53	1,036	27	0.53
5359	1991	1,032	28	0.50	1,032	28	0.50
3572	1976	1,023	29	0.43	1,023	29	0.43
3871	1976	1,022	30	0.47	1,022	30	0.48
2932	1957	1,021	31	0.52	1,021	31	0.52
5387	1993	1,010	32	0.36	1,010	32	0.36
3921	1968	0,999	33	0.46	0,999	33	0.46

* VGp = Valor genético/ σ_a

Anexo 5. Valores genéticos padronizados (VGp*), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo terceiro no rank segundo o modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (Conf) para produção de leite por dia de intervalo de partos.

Animal	Ano de nascimento	Modelo 1			Modelo 2		
		VGp	Class	Conf	VGp	Class	Conf
5364	1999	2,677	1	0,72	2,676	1	0,73
5225	1993	2,439	2	0,79	2,438	2	0,80
4052	1993	2,330	3	0,77	2,335	3	0,77
5248	1998	2,271	4	0,66	2,282	4	0,66
4798	1993	2,058	5	0,73	2,087	5	0,73
4491	1992	1,878	6	0,79	1,909	6	0,80
5354	1995	1,863	7	0,75	1,863	7	0,75
4816	1995	1,830	8	0,76	1,842	8	0,76
4512	2000	1,797	9	0,70	1,803	9	0,70
3588	1985	1,764	10	0,81	1,768	10	0,81
4293	1987	1,581	13	0,71	1,614	11	0,71
152	*	1,603	11	0,51	1,612	12	0,51
5077	1993	1,600	12	0,79	1,612	13	0,80
4044	1986	1,527	14	0,80	1,549	14	0,81
4789	1992	1,504	15	0,79	1,514	15	0,80
4716	1982	1,489	16	0,76	1,499	16	0,76
5112	2000	1,449	17	0,58	1,470	17	0,58
5293	1998	1,440	18	0,68	1,440	18	0,69
4064	1991	1,432	19	0,50	1,433	19	0,51
4021	1983	1,367	21	0,81	1,409	20	0,81
5093	1996	1,346	23	0,74	1,377	21	0,74
4867	2000	1,350	22	0,66	1,376	22	0,67
156	*	1,373	20	0,65	1,367	23	0,65
5107	2001	1,343	25	0,47	1,358	24	0,47
3759	1992	1,343	24	0,51	1,349	25	0,51
5062	1991	1,292	26	0,77	1,299	26	0,78
5235	1999	1,276	28	0,72	1,288	27	0,72
4450	1995	1,279	27	0,76	1,287	28	0,76
4494	1994	1,259	31	0,72	1,282	29	0,72
5039	1996	1,272	29	0,61	1,281	30	0,62
4888	1998	1,252	32	0,44	1,268	31	0,44
5359	1991	1,269	30	0,77	1,261	32	0,77
49	*	1,246	33	0,54	1,255	33	0,54

* VGp = Valor genético/ σ_a

Anexo 6* Valores genéticos padronizados (VGp*), preditos sob os modelos 1 e 2, dos animais classificados (Class) até trigésimo terceiro no rank segundo o modelo 2, e suas respectivas confiabilidades (Conf) para idade ao primeiro parto*

Animal	Ano de nascimento	Modelo 1			Modelo 2		
		VGp*	Class	Conf	VGp*	Class	Conf
3443	1961	5,333	1	0,53	5,332	1	0,53
3512	1961	4,646	2	0,53	4,644	2	0,53
2124	1957	3,062	3	0,36	3,061	3	0,36
3254	1958	2,623	4	0,52	2,623	4	0,52
2139	1958	2,229	5	0,45	2,229	5	0,45
3444	1961	2,106	6	0,50	2,105	6	0,50
3445	1961	2,062	7	0,35	2,061	7	0,35
1889	1953	1,905	8	0,45	1,905	8	0,45
1891	1954	1,818	9	0,36	1,817	9	0,36
3257	1961	1,766	10	0,33	1,766	10	0,33
4328	1977	1,645	11	0,58	1,645	11	0,58
1885	1950	1,634	12	0,37	1,633	12	0,37
3511	1962	1,594	13	0,33	1,593	13	0,33
671	1971	1,569	14	0,59	1,568	14	0,59
2121	1957	1,545	15	0,35	1,544	15	0,35
2098	1954	1,517	16	0,31	1,517	16	0,31
2110	1956	1,500	17	0,33	1,500	17	0,33
5282	2001	1,425	18	0,59	1,425	18	0,59
2176	1960	1,388	19	0,25	1,388	19	0,25
5120	1998	1,350	20	0,55	1,349	20	0,55
3256	1961	1,334	21	0,26	1,334	21	0,26
1794	1994	1,300	22	0,64	1,300	22	0,64
5068	1997	1,289	23	0,60	1,288	23	0,60
1879	1995	1,282	24	0,62	1,282	24	0,62
2125	1957	1,237	25	0,37	1,237	25	0,37
3253	1956	1,232	26	0,36	1,231	26	0,36
2122	1957	1,219	27	0,37	1,219	27	0,37
2112	1956	1,212	28	0,58	1,212	28	0,58
3456	1963	1,199	29	0,43	1,199	29	0,43
2129	1957	1,188	30	0,27	1,187	30	0,27
2143	1958	1,188	31	0,27	1,187	31	0,27
2724	1961	1,188	32	0,27	1,187	32	0,27
2095	1953	1,184	33	0,39	1,184	33	0,39

* VGp = Valor genético/ σ_a

Anexo 7. Soluções para as Linhagens citoplasmáticas, ordenadas de forma crescente de seus valores para a produção total de leite, com os correspondentes grupos genéticos, número de representantes e contribuição para o efetivo populacional do rebanho.

Linhagem	OM	N	%	PT	P305	PL	IP	PIP	IPP
10017	2	76	7,47	151,895	126,358	9,180	0,000	0,040	0,000
10089	1	22	2,16	98,229	81,871	7,315	0,000	0,019	0,000
10068	2	44	4,33	79,409	71,255	6,263	0,000	0,019	0,000
10054	1	53	5,21	76,793	53,126	2,643	0,000	0,016	0,000
10055	2	44	4,33	69,417	55,261	2,137	0,000	0,000	0,000
10035	2	63	6,19	56,815	60,025	3,334	0,000	0,000	0,000
10082	2	61	6,00	49,427	49,263	4,805	0,000	0,007	0,000
10079	2	32	3,15	34,936	29,651	2,651	0,000	0,011	0,000
10041	1	17	1,67	26,129	26,462	1,553	0,000	0,007	0,000
10047	2	29	2,85	25,261	21,781	2,056	0,000	0,017	0,000
10057	*	17	1,67	22,646	20,199	1,240	0,000	0,012	*
10062	2	13	1,28	18,713	16,924	2,091	0,000	0,001	0,000
10064	2	33	3,24	16,594	11,309	2,929	0,000	-0,007	0,000
10031	*	6	0,59	13,038	11,428	0,324	0,000	-0,001	*
10075	*	6	0,59	11,095	10,071	2,293	0,000	-0,003	*
10061	*	18	1,77	9,552	8,943	0,132	0,000	-0,003	*
10053	*	10	0,98	3,953	5,753	-1,453	0,000	0,003	*
10001	*	7	0,69	3,188	-0,021	0,050	0,000	-0,003	*
10098	*	13	1,28	2,098	6,225	0,123	0,000	0,009	*
10058	*	6	0,59	0,761	-0,008	-0,233	0,000	-0,003	*
10080	*	14	1,38	-0,688	-2,884	0,341	0,000	0,000	*
10007	*	5	0,49	-4,450	-4,307	-0,164	0,000	-0,004	*
10039	*	5	0,49	-4,822	-1,814	-0,010	0,000	0,003	*
10071	*	7	0,69	-7,886	-6,548	-0,361	0,000	0,001	*
10019	*	8	0,79	-9,521	-8,809	1,240	0,000	-0,002	*
10101	*	7	0,69	-9,901	-9,980	-0,240	0,000	0,001	*
10042	2	12	1,18	-12,088	-7,413	-0,932	0,000	-0,001	0,000
10036	2	21	2,06	-18,482	-14,319	-0,518	0,000	-0,002	0,000
10074	*	5	0,49	-18,838	-12,287	-0,748	0,000	-0,006	*
10083	*	5	0,49	-20,711	-17,735	-0,429	0,000	-0,002	*
10052	*	5	0,49	-22,736	-21,661	-1,125	0,000	-0,004	*
10069	*	24	2,36	-23,465	-19,333	-1,320	0,000	-0,003	*
10100	2	11	1,08	-27,674	-17,524	-2,482	0,000	-0,007	0,000
10027	2	39	3,83	-32,273	-30,596	-1,568	0,000	-0,014	0,000
10102	*	5	0,49	-35,209	-35,146	-2,097	0,000	-0,006	*
10044	2	27	2,65	-35,437	-28,587	-4,250	0,000	0,004	0,000
10008	2	65	6,39	-35,593	-27,153	-2,030	0,000	-0,003	0,000
10034	*	15	1,47	-39,388	-36,635	-1,405	0,000	-0,012	*
10072	*	6	0,59	-41,857	-40,011	-4,735	0,000	-0,007	*
10056	*	14	1,38	-42,428	-35,843	-4,382	0,000	-0,004	*
10003	2	20	1,97	-48,858	-42,524	-2,275	0,000	-0,017	0,000
10109	2	12	1,18	-49,844	-43,580	-3,750	0,000	-0,020	0,000
10010	2	42	4,13	-56,603	-45,040	-3,885	0,000	0,005	0,000
10108	2	8	0,79	-67,377	-59,160	-3,190	0,000	-0,012	0,000

Linagem	OM	N	%	PT	P305	PL	IP	PIP	IPP
10050	1	65	6,39	-103,816	-96,986	-9,119	0,000	-0,025	0,000

OM= origem mitocondrial, N = número de representantes, % = contribuição no efetivo da população, PT = produção total, P305 = produção de leite até aos 305 dias de lactação, PL = período de lactação, IP = intervalo de partos, PIP = produção de leite por dia de intervalo de partos, IPP = idade ao primeiro parto.

Anexo 8:
PROCEDIMENTO GLM SAS
Produção total de leite

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F	Prob > F
Modelo	826	1410258400	1707335	4,53	< 0,0001
Erro	1853	699018075	377236		
Total corrigido	2679	2109276475			

R^2	CV	$\sqrt{QM_{ERRO}}$	Média
0,51	22,82	57,73	252,97

Fonte de variação	GL	SQ tipo III	QM	F	Prob > F
GDP1	100	94152,220	9415,212	2,83	< 0,0001
GDM1	445	3228225,972	7254,440	2,18	< 0,0001
LINMAT	1	528,532	528,532	0,16	0,69
IDADE	167	802115,228	4803,085	1,44	0,0003
AEPOCA	102	664925,134	6518,874	1,96	< 0,0001

Anexo 9:
PROCEDIMENTO GLM SAS
Produção de leite até aos 305 dias de lactação

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F	Prob > F
Modelo	826	1197439186	1449684	4,79	< 0,0001
Erro	1853	561301467	302915		
Total corrigido	2679	1758740653			

R^2	CV	$\sqrt{QM_{ERRO}}$	Média
0,68	25,40	550,38	2166,76

Fonte de variação	GL	SQ tipo III	QM	F	Prob > F
GDP1	100	119744024,60	1197440,20	3,95	< 0,0001
GDM1	445	359415746,70	807675,80	2,67	< 0,0001
LINMAT	1	28273,50	28273,50	0,09	0,76
IDADE	167	131494111,00	787389,90	2,60	< 0,0001
AEPOCA	102	141243399,50	1384739,20	4,57	< 0,0001

Anexo 10:
PROCEDIMENTO GLM SAS
Período de lactação

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F	Prob > F
Modelo	826	6499535,82	7868,69	2,36	< 0,0001
Erro	1853	6175215,16	3332,55		
Total corrigido	2679	12674750,98			

R^2	CV	$\sqrt{QM_{ERRO}}$	Média
0,51	22,82	57,73	252,97

Fonte de variação	GL	SQ tipo III	QM	F	Prob > F
GDP1	100	941521,22	9415,21	2,83	< 0,0001
GDM1	445	3228225,97	7254,44	2,18	< 0,0001
LINMAT	1	528,53	528,53	0,16	0,6905
IDADE	167	802115,23	4803,09	1,44	0,0003
AEPOCA	102	664925,13	6518,87	1,96	< 0,0001

Anexo 11:
PROCEDIMENTO GLM SAS
Intervalo de partos

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F	Prob > F
Modelo	826	62296821,40	75419,90	2,13	< 0,0001
Erro	1853	65675176,60	35442,60		
Total corrigido	2679	127971998,00			

R^2	CV	$\sqrt{QM_{ERRO}}$	Média
0,49	59,10	188,26	318,55

Fonte de variação	GL	SQ tipo III	QM	F	Prob > F
GDP1	100	7055560,03	70555,6	1,99	< 0,0001
GDM1	445	25283964,16	56817,90	1,60	< 0,0001
LINMAT	1	950,96	950,96	0,03	0,8699
IDADE	167	10054194,38	60204,76	1,70	< 0,0001
AEPOCA	102	12497255,05	122522,11	3,46	< 0,0001

Anexo 12:
PROCEDIMENTO GLM SAS
Produção de leite por dia de intervalo de parto

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F	Prob > F
Modelo	826	12741,46	15,43	2,57	< 0,0001
Erro	1853	11135,76	6,01		
Total corrigido	2679	23877,21			

R^2	CV	$\sqrt{QM_{ERRO}}$	Média
0,53	65,28	2,45	3,76

Fonte de variação	GL	SQ tipo III	QM	F	Prob > F
GDP1	100	1366,09	13,66	2,27	< 0,0001
GDM1	445	4313,95	9,69	1,61	< 0,0001
LINMAT	1	0,13	0,13	0,02	0,8819
IDADE	167	1533,26	9,18	1,53	< 0,0001
AEPOCA	102	2775,86	27,21	4,53	< 0,0001

Anexo 13:
PROCEDIMENTO GLM SAS
Idade ao primeiro parto

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F	Prob > F
Modelo	518	38935,59	75,17	4,22	< 0,0001
Erro	99	1761,30	17,79		
Total corrigido	617	40696,89			

R^2	CV	$\sqrt{QM_{ERRO}}$	Média
0,96	9,34	4,22	45,15

Fonte de variação	GL	SQ tipo III	QM	F	Prob > F
GDP1	72	2339,31	32,49	1,83	0,0028
GDM1	372	16396,23	44,08	2,48	< 0,0001
LINMAT	1	121,35	121,35	6,82	0,0104
AEPOCA	55	1874,23	34,08	1,92	0,0025