

JÚLIO CESAR DE CARVALHO BALIEIRO

**HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA NA
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2001
JÚLIO CESAR DE CARVALHO BALIEIRO

**HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA
NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 29 de janeiro de 2001.

Prof. Robledo de Almeida Torres

Prof. Ricardo

Frederico Euclides

(Conselheiro)

(Conselheiro)

Prof. Adair José Regazzi

Prof. Paulo Roberto Cecon

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

A Deus, por tudo.

Ao meu avô, Joaquim, exemplo de sabedoria e virtudes.

Aos meus pais, Regina e Edson, minha eterna gratidão.

Aos meus irmãos, Kátia, Edson, Fabiano e Cristiano.

AGRADECIMENTO

À Universidade Federal de Viçosa, em particular aos professores dos Departamentos de Zootecnia, Biologia Geral e de Informática que participaram do Programa de Doutorado em Genética e Melhoramento Animal, pelos ensinamentos.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo fornecimento de bolsa de estudo durante parte do Curso.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela eficiente orientação, pela amizade, pela compreensão e pelos ensinamentos transmitidos.

Aos professores da UFV, Robledo de Almeida Torres, Ricardo Frederico Euclides, Adair José Regazzi e Paulo Roberto Cecon, pelas preciosas críticas e sugestões.

Aos professores da FZEA-USP, Joanir Pereira Eler e José Bento S. Ferraz, pela confiança e pelo estímulo durante a realização deste trabalho.

À Agropecuária CFM Ltda., pela cessão dos dados, que tornaram possível este estudo.

Aos colegas da área de Melhoramento Animal da UFV, em especial aos amigos Renato Ribeiro de Lima, William José Ferreira, Amauri Arias Wenceslau, Eduardo Shiguero Sakaguti, Paulo e Policarpo Souza Carneiro, Aldrin e Ricardo, pela amizade e pelo constante incentivo.

Aos colegas do Grupo de Melhoramento Animal da FZEA-USP, em especial aos amigos Luis Gustavo Giraldi, Ricardo Brumatti e William Kouri, Saulo Luz, pelo estímulo e pela sadia convivência.

À minha esposa, Priscila Carvalho de Oliveira, pelo incentivo e pela paciência em esperar que eu terminasse o Curso.

A todos aqueles que, direta ou indiretamente, colaboraram para realização deste estudo.

BIOGRAFIA

JÚLIO CESAR DE CARVALHO BALIEIRO, filho de Edson de Souza Balieiro e de Regina Maria de Carvalho Balieiro, nasceu em 26 de setembro de 1966, em Juiz de Fora, Estado de Minas Gerais.

Em março de 1987, ingressou na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, onde, em abril de 1992, graduou-se em Zootecnia.

Em agosto de 1993, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Mestrado, na Universidade Federal de Viçosa, realizando seus estudos na área de Melhoramento Animal, concluindo-o em março de 1996.

Em março de 1996, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, em nível de Doutorado, na Universidade Federal de Viçosa, realizando seus estudos na área de Melhoramento Animal.

ÍNDICE

| | Página |
|--|---------------|
| LISTA DE QUADROS..... | viii |
| LISTA DE FIGURAS | xiii |
| RESUMO | xv |
| ABSTRACT | xviii |
| 1. INTRODUÇÃO..... | 1 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA | 3 |
| 2.1. Metodologias utilizadas para corrigir a heterogeneidade de variância..... | 3 |
| 2.2. Efeitos de heterogeneidade de variância nas estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos..... | 10 |
| 2.3. Efeitos da heterogeneidade de variâncias na predição de valores genéticos | 20 |
| 3. MATERIAL E MÉTODOS | 26 |
| 3.1. Origem dos dados | 26 |
| 3.2. Dados analisados | 27 |
| 3.3. Métodos de análise..... | 30 |
| 3.3.1. Análise de característica única..... | 30 |
| 3.3.2. Teste para verificação da heterogeneidade de variância | 34 |
| 3.3.3. Análises considerando as classes de heterogeneidade de | |

| | |
|---|---------------|
| variâncias | 37 |
| 3.3.4. Critérios de convergência adotados..... | 40 |
| 3.3.5. Correlações entre valores genéticos | 40 |
| | Página |
| 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 41 |
| 4.1. Análises de características únicas para as características de desenvolvimento ponderal..... | 41 |
| 4.2. Análises de características múltiplas para as características de desenvolvimento ponderal..... | 56 |
| 4.3. Correlações entre valores genéticos para as características de desenvolvimento ponderal..... | 64 |
| 4.4. Implicações na avaliação genética para as características de desenvolvimento ponderal..... | 75 |
| 5. RESUMO E CONCLUSÕES | 79 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 83 |

LISTA DE QUADROS

| | | Página |
|---|--|---------------|
| 1 | Causas das eliminações e números de registros perdidos para as características de desenvolvimento ponderal, peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano..... | 28 |
| 2 | Distribuição das características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o rebanho..... | 28 |
| 3 | Distribuição das características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o sexo dos animais | 28 |
| 4 | Distribuição das | |

| | | |
|---|--|----|
| | características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o ano de nascimento do animal..... | 29 |
| 5 | Distribuição das características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o mês de nascimento do animal..... | 29 |
| 6 | Composição dos arquivos de pedigree para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano | 30 |
| 7 | Número de observações, número de grupos contemporâneos e frequência dos registros para as característica peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano por nível de variabilidade..... | 37 |

| | | |
|----|---|----|
| 8 | Médias (MED), desvios padrão (DP), mínimos (MIN), máximos (MAX) e coeficientes de variação (CV) para a característica peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original e transformadas..... | 42 |
| 9 | Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), materna ($\hat{\sigma}_m^2$), covariância genética entre efeito direto e materno ($\hat{\sigma}_{am}$), componentes de ambiente permanente ($\hat{\sigma}_{pe}^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), para a característica peso à desmama em escala original, padronizadas e dividida pelo desvio-padrão amostral, obtidas em análises de características únicas | 43 |
| 10 | Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e correlações genéticas entre o efeito genético direto e materno (r_{am}) para a característica peso à desmama em escala original, padronizadas e dividida pelo | 43 |

| | | |
|----|--|----|
| | desvio-padrão amostral, obtidas em análises de característica única | |
| 11 | Estimativas de componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$) e de herdabilidades para peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, obtidos nas análises de característica única | 45 |
| 12 | Número de registros (N), médias (MED), desvios padrão (DP), mínimo (MIN), máximo (MAX) e coeficiente de variação (C.V.) para peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, em escala original, dentro dos níveis de variabilidade considerados | 46 |
| 13 | Estimativas dos | |

componentes de
 variância genética
 aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$),
 materna ($\hat{\sigma}_m^2$), da
 covariância entre
 genética aditiva
 direta e materna 47
 ($\hat{\sigma}_{am}$), dos
 componentes de
 ambiente
 permanente ($\hat{\sigma}_{pe}^2$),
 residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e
 fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$),
 para a característica
 peso à desmama em
 escala original,
 padronizada e
 dividida pelo
 desvio-padrão
 amostral nos três
 níveis de
 variabilidade,
 obtidas em análises
 de características
 única

Página

14 Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e de correlações genéticas entre o efeito genético direto e materno (r_{am}) para a característica peso à desmama em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de característica única..... 48

15 Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$) e 51

| | | |
|----|---|----|
| 16 | <p>herdabilidades para a característica peso ao sobreano em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de características única</p> | |
| | <p>Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), e herdabilidades para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de características única</p> | 54 |
| 17 | <p>Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), materna ($\hat{\sigma}_m^2$), covariâncias genéticas aditivas diretas e maternas ($\hat{\sigma}_{aa}$ e $\hat{\sigma}_{mm}$) e dos</p> | 57 |

| | | |
|----|---|----|
| | componentes de ambiente permanente ($\hat{\sigma}_{pe}^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípico ($\hat{\sigma}_p^2$), para a característica peso à desmama em escala original nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de características múltiplas..... | |
| 18 | Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e correlações genéticas entre os efeitos genéticos diretos e maternos (r_{aa} e r_{mm}) para a característica peso à desmama em escala original nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de característica múltiplas..... | 57 |
| 19 | Estimativas dos componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), herdabilidades e correlações genéticas (r_a) para a característica peso ao sobreano em | 60 |

escala original,
 obtidos em análises
 de características
 múltiplas.....

Página

| | | |
|----|--|----|
| 20 | Estimativas dos componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), herdabilidades e correlações genéticas (r_a) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidos em análises de características múltiplas..... | 62 |
| 21 | Ordem de classificação dos melhores reprodutores por valores genéticos diretos, em escala original e transformadas, para peso à desmama, obtidos em análises de característica única | 65 |
| 22 | Correlações de Pearson entre valores genéticos de reprodutores para peso ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | 67 |
| 23 | Correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos | |

| | | |
|----|--|----|
| | valores genéticos dos reprodutores para peso ao sobreano em escala original, obtidos em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | 67 |
| 24 | Ordens de classificação dos melhores reprodutores por valores genéticos para peso ao sobreano em escala original, obtidos em análises de características únicas específicas e os obtidos em análises de características múltiplas..... | 68 |
| 25 | Correlações de Pearson entre os valores genéticos das vacas para peso ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | 69 |
| 26 | Correlações de Spearman entre as ordens de classificação das vacas para peso ao | 69 |

| | | |
|----|---|----|
| | sobreano em escala original, obtidas em análise de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | |
| 27 | Correlações de Pearson entre valores genéticos de reprodutores para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | 71 |
| 28 | Correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos valores genéticos dos reprodutores para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidos em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | 71 |
| 29 | Ordens de classificação dos melhores reprodutores por valores genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidos em análises de características únicas específicas e os obtidos em análises de | |

| | | |
|----|--|----|
| | características múltiplas | 72 |
| 30 | Correlações de Pearson entre valores genéticos das vacas para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | 73 |
| 31 | Correlações de Spearman entre as ordens de classificação das vacas para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas..... | 73 |

LISTA DE QUADROS

| | Página |
|---|---|
| 1 | Esquema da estratégia utilizada para divisão dos níveis de variabilidade dentro das classes de grupos contemporâneos para as três características de desenvolvimento ponderal em escala original e para os dados transformados 36 |
| 2 | Componentes de variância genética aditiva direta, materna e residual para a característica peso à desmama em 48 |

| | | |
|---|--|----|
| | escala original, obtidos em análises de característica única para os diferentes níveis de variabilidade | |
| 3 | Componentes de variância genética aditiva direta, materna e residual para a característica peso à desmama padronizada e dividido pelo desvio-padrão amostral, obtidos em análises de característica única para os diferentes níveis de variabilidade | 49 |
| 4 | Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única nos diferentes níveis de variabilidade para peso ao sobreano em escala original..... | 51 |
| 5 | Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única nos diferentes níveis de variabilidade para peso ao sobreano padronizado e dividido pelo desvio-padrão | 52 |

| | | |
|----|--|---------------|
| | amostral..... | |
| 6 | Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única nos diferentes níveis de variabilidade para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original..... | 54 |
| | | Página |
| 7 | Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única nos diferentes níveis de variabilidade para ganho de peso da desmama ao sobreano padronizado e dividido pelo desvio-padrão amostral | 55 |
| 8 | Componentes de variância genética aditiva direta, materna e residual obtidos em análises de características múltiplas entre os diferentes níveis de variabilidade para peso à desmama em escala original | 58 |
| 9 | Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de características múltiplas entre os diferentes níveis de variabilidade para peso ao sobreano em escala original..... | 60 |
| 10 | Componentes de variância genética | |

aditiva e residual
obtidos em análises
de características
múltiplas entre os
diferentes níveis de
variabilidade para
ganho de peso da
desmama ao
sobreano em escala
original.....

RESUMO

BALIEIRO, Júlio Cesar de Carvalho, D.S., Universidade Federal de Viçosa, janeiro de 2001. **Heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Conselheiros: Robledo de Almeida Torres e Ricardo Frederico Euclides.

Foram analisados 44.454 registros de peso à desmama, 28.493 registros de peso ao sobreano e 28.399 registros de ganho de peso da desmama ao sobreano. As características de crescimento foram transformadas utilizando as seguintes funções: logaritmo na base dez, raiz quadrada, (observação - média da subclasse do grupo contemporâneo)/desvio-padrão amostral da subclasse e observação/desvio-padrão amostral da subclasse. As transformações por meio das funções de padronização da média e desvio-padrão amostral da subclasse do grupo contemporâneo e a divisão pelo desvio-padrão amostral da subclasse do grupo contemporâneo apresentaram resultados não-significativos ($P > 0,05$) e as transformações logarítmica e raiz quadrada, bem como as características em escala original, resultados significativos ($P < 0,05$), para o teste de Bartlett. As estimativas de herdabilidades direta para peso à desmama em escala original e transformadas pelas funções padronização da média e desvio-padrão amostral da subclasse do grupo contemporâneo e a divisão pelo desvio-padrão amostral da subclasse do grupo contemporâneo foram, respectivamente: 0,30, 0,33, e 0,33. As estimativas de herdabilidades materna para peso à desmama em escala original e transformadas foram, respectivamente: 0,04, -0,08 e -0,08. As estimativas de herdabilidades direta para peso ao sobreano em escala original e transformadas pelas funções foram, respectivamente: 0,44, 0,49 e 0,49. As estimativas de herdabilidades direta para ganho de peso em escala original e transformadas pelas funções foram, respectivamente: 0,26, 0,27 e 0,27. As variâncias das subclasses de grupo contemporâneo foram utilizadas para

dividir os registros de peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso de desmama ao sobreano em níveis de baixa, média e alta variabilidade. As médias dos registros de peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso, bem como os componentes de variância genética, residual e fenotípica, aumentaram com o incremento dos níveis de variabilidade dos grupos contemporâneos. As estimativas de herdabilidades direta para peso à desmama em escala original e transformadas em níveis de baixa, média e alta variabilidade foram, respectivamente, 0,29, 0,29 e 0,29 (escala original); 0,28, 0,26 e 0,26 (padronização); e 0,28, 0,26 e 0,26 (divisão pelo desvio-padrão amostral). As estimativas de herdabilidades materna para peso à desmama em escala original e transformadas em níveis de baixa, média e alta variabilidade foram, respectivamente, respectivamente: 0,03, 0,07 e 0,07 (escala original); 0,07, 0,10 e 0,07 (padronização); e 0,07, 0,10 e 0,07 (divisão pelo desvio-padrão amostral). As estimativas de herdabilidades para peso ao sobreano em escala original e transformada em níveis de baixa, média e alta variabilidade foram, respectivamente: 0,22, 0,35 e 0,41 (escala original); 0,21, 0,32 e 0,38 (padronização); e 0,21, 0,32 e 0,38 (divisão pelo desvio-padrão amostral). As estimativas de herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original e transformadas em níveis de baixa, média e alta variabilidade foram, respectivamente: 0,22, 0,28 e 0,27 (escala original); 0,22, 0,29 e 0,27 (padronização); e 0,22, 0,29 e 0,27 (divisão pelo desvio-padrão amostral). Os componentes de variância genética, em análises de características múltiplas, foram maiores que os obtidos em análises de característica única, e os componentes de variância residual foram menores, resultando em estimativas de herdabilidades maiores. As correlações de Pearson entre os valores genéticos e as correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos touros e das vacas, obtidas em análises de característica única, para os registros de peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso, em escala original e transformadas, foram próximas à unidade, o que evidencia que os animais seriam classificados de maneira similar. As correlações de Pearson entre os valores genéticos e as correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos reprodutores, obtidas em análises de características múltiplas, foram próximas à unidade, para os registros peso ao sobreano e ganho de peso, o que indica que os animais

seriam classificados de maneira similar entre os diferentes níveis de variabilidade. As correlações de Pearson entre os valores genéticos e as correlações de Spearman entre as ordens de classificação das vacas, obtidas em análises de características múltiplas, foram medianas para os registros peso ao sobreano e ganho de peso, o que indica que os animais seriam classificados de maneira diferente entre os três níveis de variabilidade.

ABSTRACT

BALIEIRO, Júlio Cesar de Carvalho, D.S., Universidade Federal de Viçosa, January of 2001. **Heterogeneity of variance in genetic evaluation of Nelore cattlen.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Committee Members: Robledo de Almeida Torres and Ricardo Frederico Euclydes.

Data of 44,454, 28,493 and 28,399 records weaning weight, overyearling weight and postweaning gain, respectively, were analyzed. The growth traits were transformed using the following functions: base 10 logarithm, square root, standardization, and expressed as a ratio of the phenotypic standard deviation of the contemporary group. The original and transformed scale using the functions base 10 logarithm and square root had a significant effect ($P < 0.05$) to Bartlett's test, while standardization and expressed as ratio of the phenotypic standard deviation did not have significant effect ($P > 0.05$). The direct heritability estimates for weaning weight in original and transformed scale by standardization and expressed as ratio of the phenotypic standard deviation were, respectively, 0.30; 0.33; 0.33. The maternal heritability estimates for weaning weight in original and transformed scale were, respectively, 0.04; -0.08; -0.08. The heritability estimates for overyearling weight in original and transformed scale were, respectively, 0.44; 0.49; 0.49. The heritability estimates for postweaning gain in original and transformed scale were, respectively, 0.26; 0.27; 0.27. The variances of the subclasses of contemporary group were used

to divide the records of weaning weight, overyearling weight and postweaning gain in three variability levels: low, medium and high. The averages of records of weaning weight, overyearling weight and postweaning gain, as well as, the components of genetic, residual and phenotypic variances increased with the increase of the variability levels of the contemporary groups. The components of genetic variance, for the multitraits analyses, were larger than the obtained in single traits models, and the components of residual variance were smaller, resulting in heritability estimates larger. The Pearson and Spearman correlations between the genetic values and the rank order of the bulls and cows classification of obtained in single traits analyses, for weaning weight, overyearling weight and postweaning gain, in original and transformed scale, were close to the unit, indicating that the animals would be classified in a similar way. The Pearson and Spearman correlations between the genetic values and the rank order of the bulls classification, obtained in analyses of multitrait models, were close to the unit too, for overyearling weight and postweaning gain, indicating that the animals would be classified in a similar way among the different variability levels. The Pearson and Spearman correlations between the genetic values and the rank order of the cows classification, obtained in analyses of multitrait models were medium, for overyearling weight and postweaning gain, indicating that the animals would be classified in different way in the three variability levels.

1. INTRODUÇÃO

A produção mundial de carne bovina em 1998 foi de 49,181 milhões de toneladas de equivalente carcaça. Deste volume, o Brasil respondeu com 6,422 milhões de toneladas, o que representa 13% da produção mundial. O mercado interno consumiu cerca de 6,100 milhões de toneladas (95%), sendo apenas 321,1 mil toneladas destinadas ao mercado externo (ANUALPEC, 1999).

Com a reestruturação da economia interna brasileira e com os efeitos da globalização dos mercados, os produtos nacionais passaram a ser comparados, em termos de qualidade e preço, aos produtos internacionais. Desta forma, o modelo tradicional extrativista de produção de carne passou a ser extremamente deficitário. Dificilmente os custos de manutenção dos fatores terra, capital e trabalho seriam remunerados com a utilização de animais cujo potencial genético fosse o de lento crescimento e tardias maturidades sexual e de acabamento (JOSAHKIAN, 2000). Tal panorama acarretou em mudanças de rumos nos conceitos de seleção, demonstradas pela preocupação por parte dos criadores em adotar e, ou, participar de algum dos programas de melhoramento e avaliações genéticas de bovinos de corte.

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético (oficiais e, ou, particulares) de bovinos de corte em andamento no Brasil estimam os componentes de (co)variância por máxima

verossimilhança restrita (REML) em um modelo animal com predição dos valores genéticos, por meio de melhores preditores lineares não-viesados (BLUP). Nas avaliações genéticas, assume-se que as variâncias residuais e genéticas são constantes para todos os rebanhos participantes, sem considerar o nível de produção ou as variâncias particulares dos diferentes níveis de efeitos fixos. Outra pressuposição comumente assumida é a ausência de interação genótipo-ambiente (covariância entre genótipo e ambiente igual a zero). Em estudos de características de crescimento, tem sido demonstrada uma crescente variabilidade na resposta dos indivíduos em função do tempo. A heterogeneidade de variâncias (ou heterocedasticidade), quando não é devidamente estudada, pode implicar predição viciada de valores genéticos, redução do progresso genético e seleção desproporcional de animais oriundos de ambientes com variâncias diferentes.

Os objetivos deste estudo foram: testar alguns tipos de transformações de dados, visando corrigir a heterogeneidade de variâncias entre os grupos contemporâneos de diferentes rebanhos, para as características de desenvolvimento ponderal, peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano; estimar os componentes de variâncias e os parâmetros genéticos, assim como prever valores genéticos com modelos mistos, considerando e desconsiderando a heterogeneidade de variância entre os grupos contemporâneos de diferentes rebanhos; e, verificar os impactos da

heterogeneidade de variâncias entre rebanhos na avaliação genética e na classificação de vacas e touros da raça Nelore.

2. REVISÃO DE LITERATURA

A presente revisão de literatura privilegiará os principais trabalhos que tratam dos efeitos da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos. Excepcionalmente, estudos utilizando outras espécies constam desta revisão, por abordarem tópicos esclarecedores e de interesse com o assunto em questão.

A maioria dos procedimentos de modelos mistos na avaliação genética para bovinos utiliza pressuposições de variâncias genéticas e residuais iguais entre rebanhos. No entanto muitos estudos, principalmente sobre gado leiteiro, nos quais os componentes de variância foram estimados em rebanhos agrupados por nível de produção, têm indicado uma relação positiva entre nível de produção e estimativas de variâncias genéticas e residuais. Se as variâncias aumentam com a média de produção, mas assume-se serem elas homogêneas, os animais podem ser avaliados erroneamente. Vacas superiores dentro de rebanhos com grandes variâncias ou touros com grande porcentagem de filhas em rebanhos com grandes variâncias tendem a ter seus valores genéticos superestimados.

2.1. Metodologias utilizadas para corrigir a heterogeneidade de variância

A importância de estudar a heterogeneidade de variâncias em relação ao ambiente em que os animais são explorados não é um tema novo. Diversos pesquisadores têm se preocupado com metodologias que visam identificar e corrigir o problema.

Inicialmente, LUSH (1945) recomendou que os animais deveriam ser mantidos em um meio no qual pudessem mostrar prontamente quais os indivíduos que mais se aproximariam do ideal, ou seja, aqueles possuidores de todos os genes com efeitos desejáveis. HAMMOND (1947) concluiu que a seleção deveria ser praticada em ambiente mais favorável, para melhorar a acurácia da seleção em decorrência da maior expressão de genes de interesse econômico.

FALCONER (1952) introduziu o conceito da correlação genética entre desempenho em ambientes diferentes, usando a taxa de resposta indireta (correlacionada), em relação à resposta direta, para determinar o ambiente ótimo para seleção. A idéia proposta é a de que um caráter medido em dois ambientes diferentes não deveria ser analisado como um único caráter, e sim como dois. A explicação do autor é que mecanismos fisiológicos são, de algum modo, diferentes, conseqüentemente os genes exigidos para maior desempenho são também diferentes. Se a correlação genética for alta, então o desempenho em dois ambientes representará aproximadamente o mesmo caráter, determinado pelo mesmo grupo de genes. Se a correlação for baixa, o caráter será muito diferente, e o desempenho exigirá um grupo diferente de genes. Esta relação entre resposta indireta e direta é dada por:

$$\frac{\text{Resposta Correlacionada}}{\text{Resposta Direta}} = \frac{i_y h_y r_a \sigma_{a_x}}{i_x h_x \sigma_{a_x}} = r_a \frac{i_y h_y}{i_x h_x}$$

em que

i_i = a intensidade de seleção no ambiente i ;

h_i = a raiz quadrada da herdabilidade no ambiente i ;

σ_{a_x} = o desvio-padrão genético aditivo para a característica no ambiente x ; e

r_a = a correlação genética para a característica nos ambientes.

Se a intensidade de seleção alcançada, quando se seleciona para o caráter y , for igual à do caráter x , então a resposta correlacionada será maior que a direta se $r_a h_y$ for maior que h_x . Portanto, não se espera que a seleção indireta seja superior à seleção direta, a menos que:

i) o caráter secundário tenha uma herdabilidade substancialmente mais alta que a do caráter desejado e a correlação genética entre os dois seja alta; e

ii) a intensidade de seleção no caráter secundário seja bem maior do que no caráter desejado.

Após quatro décadas, BOLDMAN e FREEMAN (1990) estudaram estimativas de variâncias para produção de leite em escala original e logarítmica em três níveis de produção, utilizando três modelos, dos quais os dois primeiros tiveram os dados transformados e em escala original, sendo a ocorrência de variâncias constantes assumida pelos autores. Nesses dois modelos, as variáveis em escala original e transformada foram analisadas como característica única, e no terceiro os dados em escala original foram assumidos como tendo variâncias heterogêneas, sendo analisados como características múltiplas para os três diferentes níveis de produção. Como uma das conclusões, os autores recomendariam para uso em avaliação nacional de touros e vacas o método que considera a heterogeneidade de variâncias, desde que ele seja viável computacionalmente.

FAMULA (1989) questionou o uso de grupos de rebanhos subdivididos em níveis de baixa, média e alta produção, alegando que as estimativas de variâncias destes dados são divididas (selecionadas) dentro de uma base extratificada. A extratificação sobre uma característica correlacionada iria afetar

a estimativa de variância. O efeito desta extratificação é que muda a natureza do problema para um de estimativa de variâncias em dados submetidos à seleção (HENDERSON, 1975). A partir de dados simulados, foi apresentado e avaliado o viés esperado nas estimativas de variância quando os dados são condicionados à seleção, pela divisão em grupos de rebanhos por produção.

WIGGANS e VAN RADEN (1991) desenvolveram um procedimento para a avaliação genética que considera as variâncias fenotípicas, que se modificam ao longo dos anos de acordo com as regiões, o rebanho e a ordem de parto. As mudanças nas variâncias fenotípicas por região, ano de parto e ordem de parto (primeiras lactações e lactações posteriores) foram investigadas por meio de dados de 1.897.600 subclasses de rebanho-ano, quando das avaliações da raça Holandesa, variedade vermelha e branca, nos Estados Unidos. As variâncias fenotípicas foram calculadas para cada grupo de ano-estação-ordem de parto e reunidas sobre rebanhos individuais. Estas variâncias foram analisadas por meio de um modelo que incluía os efeitos de ano de parto, estação e grupo de ordem de parto. As soluções para o efeito fixo “estado da federação” foram a base para definir três regiões, com alguma consideração dada para a localização geográfica. Variâncias de região-ano-ordem de parto foram calculadas. As variâncias-base, de acordo com a ordem de parto, foram assim definidas: média ponderada das variâncias para partos de 1987, dentro de região para o primeiro parto, e média ponderada das variâncias para partos de 1988, dentro de região para os partos posteriores. Esta definição correspondia à base de avaliação para o ano de nascimento de 1985. Fatores de ajustamentos foram gerados da seguinte forma: valores menores que 1, quando as variâncias do rebanho eram baixas, e valores maiores que 1, quando as variâncias do rebanho eram altas. Os autores concluíram que os ajustamentos com base na variância fenotípica regredida sobre a variância de região-ano-ordem de parto deveriam ser incluídos nas avaliações genéticas, porque tais ajustamentos acrescentam pouco requerimento computacional.

VISSCHERT e HILL (1992), após revisarem algumas teorias e alguns resultados de estimação de parâmetros genéticos relacionados à heterogeneidade de variâncias em gado de leite, apresentaram um padrão de procedimento bayesiano no qual um coeficiente de regressão depende da variância dos parâmetros, assumindo que eles são conhecidos *a priori*. Este

método foi usado no estabelecimento do índice de avaliações de vacas, na Inglaterra. A regressão pode ser escrita como: $\hat{\theta}_i^* = \hat{\theta}_0 \beta_i (\hat{\theta}_i - \hat{\theta}_0)$, em que $\hat{\theta}_i$ é o parâmetro estimado; $\hat{\theta}_i^*$ é a estimativa regredida para o rebanho i ; e $\hat{\theta}_0$ é a estimativa geral (*a priori*). O coeficiente de regressão é $\beta = 1/(1 + \gamma_i)$, e $\gamma_i = V(\hat{\theta}_i | \theta_i) / V(\theta_i)$ é a taxa de variância amostral para a variância do parâmetro, ou seja, é a taxa de variância dentro e entre o parâmetro θ . Portanto, se $\hat{\theta}_i$ é estimado de um grande número de observações, $V(\hat{\theta}_i | \theta_i)$ e γ_i assumem valores pequenos, então a estimativa de $\hat{\theta}_i^*$ é próxima a $\hat{\theta}_i$. Porém, se $\hat{\theta}_i$ tem um grande erro de amostragem, a estimativa ponderada é próxima ao valor da população θ . Os autores concluíram que para propostas práticas a variância fenotípica de rebanhos individuais deveria ser estimada e regredida por um fator, dependendo do número de registros por rebanho, para uma estimativa *a priori*.

KACHMAN e EVERETT (1993) apresentaram um modelo multiplicativo para avaliação da heterogeneidade originária de variâncias de diferentes ambientes. O modelo aplica um fator escalar para cada ambiente e para todos os efeitos fixos e aleatórios, em que, ao longo dos ambientes, o tratamento do fator escalar é como um efeito aleatório. No modelo misto usual, os efeitos fixos e aleatórios são assumidos como constantes, ou multiplicados por uma constante conhecida (por exemplo: uma covariável). O modelo misto usual é $y_i = X_i b + Z_i u + e_i$, em que o subscrito i denota um ambiente particular i . Um modelo misto multiplicativo adicionado por um fator escalar (λ_i) para cada ambiente é representado por: $y_i = \lambda_i X_i b + \lambda_i Z_i u + \lambda_i e_i$, em que λ_i é um fator escalar para o ambiente i . O uso de um único fator escalar para cada ambiente implica que as variâncias podem mudar entre os ambientes. Os efeitos fixos e aleatórios que são comuns entre os ambientes são amplificados pelo fator escalar de cada ambiente. A interpretação de um efeito em um dado ambiente é o “efeito médio” (b ou u), multiplicado pelo fator escalar do ambiente. Os efeitos que são únicos de um ambiente podem ser substituídos por um efeito que não é multiplicado pelo escalar do ambiente. Os efeitos aleatórios que são comuns entre ambientes podem ser vistos como efeitos

separados para cada ambiente. A correlação entre o mesmo efeito em dois ambientes diferentes será 1 e a variância em efeito aleatório j no ambiente i é $\lambda_i^2 \sigma_j^2$, em que σ_j^2 é a variância em escala original do efeito aleatório j . Correlações menores que 1 entre efeitos aleatórios podem ser obtidas pela inclusão de efeitos aleatórios únicos para cada ambiente. A distribuição dos fatores escalares e a estimação dos componentes de variância, dos fatores escalares e dos efeitos fixos e aleatórios são demonstradas com base em procedimentos bayesianos. Uma vantagem deste método é que o modelo misto multiplicativo não requer que a variância seja função da média de produção em um ambiente. Porém, os autores consideram que o método proposto é um desafio computacional.

WEIGEL e GIANOLA (1993) apresentaram uma aproximação bayesiana para estimação da heterogeneidade de variâncias fenotípicas dentro das subclasses de rebanho-ano-ordem de parto e um exemplo com dados simulados. Os autores concluíram que: i) o método bayesiano para estimação de variâncias fenotípicas heterogêneas teria uma forte justificativa teórica e não causaria incrementos computacionais; ii) a estimativa de quadrado médio do erro dentro da subclasse seria bastante reduzida pela incorporação da informação entre as subclasses, usando o método bayesiano; e iii) quando a correlação entre os desvios-padrão dentro das subclasses em períodos adjacentes é grande, a média ponderada de WIGGANS e VAN RADEN (1991) poderia resultar em menores erros médios de estimação do que os métodos bayesianos.

VAN DER WERF et al. (1994) estudaram o efeito da correção para heterogeneidade de variâncias, utilizando a estimação de uma variância geral dentro de anos, mais as variâncias adjacentes de rebanho-ano. Esta variância geral é então utilizada para a padronização da produção por meio da seguinte equação: $y'_{ijk} = (y_{ijk} - \mu_{HY_{S_k}}) / \sigma_{w_i}^2$, em que y'_{ijk} é o registro de produção de leite padronizado; $\mu_{HY_{S_k}}$ é a média de produção de leite da classe de rebanho-ano-estação de parto à qual o registro ijk pertence; e $\sigma_{w_i}^2$ é a estimativa de variância geral no ano i . As análises que utilizam o modelo animal revelaram que o efeito da heterogeneidade é parcialmente removido pela correção,

indicando que outras fontes de viés estariam também presentes, sendo exemplo o tratamento preferencial. As variâncias dentro de rebanho-ano foram estimadas e aumentaram com os anos, assim como suas médias. Os autores concluíram que, provavelmente, o método não removeu o viés por causa do tratamento preferencial, que incrementa a estimativa de variância dentro das estimativas de variâncias de rebanho-ano.

MEUWISSEN et al. (1996) apresentaram um método para corrigir a heterogeneidade de variâncias fenotípicas nos cálculos do efeito de grupo genético ou raça e para reduzir a variância pela seleção, utilizando dados simulados e dados de produção de leite, na Holanda. Os dados são considerados homogêneos dentro de um extrato e heterogêneo entre extratos. Uma classe de rebanho-ano representa um extrato. Os registros do rebanho i são representados por: $y_i = (X_i b + Z_i u + e_i) \exp(\lambda/2)$, em que b é o vetor de efeitos fixos (grupos genéticos e rebanho-ano-estação); u é o vetor aleatório de valores genéticos; e_i é o vetor de efeitos de ambientes; e X_i e Z_i são as matrizes de incidências para os efeitos fixos e aleatórios de valores genéticos, respectivamente. $\text{var}(u) = A\sigma_a^2$, em que A é a matriz de parentesco e σ_a^2 é a variância genética aditiva. $\text{var}(e) = R\sigma_e^2$, em que σ_e^2 é a variância residual e R_i é uma matriz diagonal. Conseqüentemente, σ_e^2 é arbitrariamente proporcional a 1, o que implica $\sigma_a^2 = 1/\lambda$ e $\lambda = (1 - h^2)/h^2$, que é assumido ser conhecido, isto é, assume-se que a herdabilidade é conhecida e constante entre rebanho-ano. A inclusão do efeito adicional nas equações de modelos mistos é direta. O processo de estimação de y_i envolve procedimentos bayesianos. Os autores concluíram que o método para corrigir a heterogeneidade é completamente viável para grandes bancos de dados, por assumir subclasses de rebanho-ano independentes das estimativas das variâncias heterogêneas. Este método não foi aplicado na Holanda, pelo fato de os rebanhos serem pequenos.

SEE (1998) analisou a heterogeneidade de variância em 21.877 registros de toucinho em suínos da raça Duroc, coletados em 11 granjas, por meio de análises para característica única para cada granja, em relação às granjas reunidas. Utilizou-se o teste da razão de verossimilhança proposto por RAO (1973), que consiste em subtrair o valor -2Λ de um modelo com maior

número de parâmetros do valor -2Δ de um modelo com menos parâmetros. A diferença é comparada com um valor de χ^2 (qui-quadrado), cujo número de graus de liberdade é a diferença entre o número de parâmetros estimados para os dois modelos. Posteriormente, as granjas foram estudadas em grupos de três e analisadas como características distintas.

ROBERT-GRANIÉ et al. (1999) utilizaram um modelo linear misto, assumindo variâncias residuais heterogêneas em proporções constantes e conhecidas, em análises de produção de leite, gordura e proteína, para rebanhos das raças Holandesa, Montbeliarde e Normando, na França. O método foi baseado em um modelo log-linear, que foi comparado com o modelo multiplicativo de MEUWISSEN et al. (1996). Em ambos os modelos heterocedásticos, os resultados foram similares.

2.2. Efeitos da heterogeneidade de variância nas estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos

O potencial para mudança genética em característica economicamente importante nos animais domésticos, como em gado de corte, depende em grande parte da magnitude das variâncias genéticas e, conseqüentemente, das herdabilidades das características consideradas na seleção. A natureza e a extensão das relações entre características que estão envolvidas na mudança

genética são também afetadas pela seleção. A efetividade de um programa de melhoramento está baseada no conhecimento da composição e na importância relativa das variações genética e ambiental de uma característica, em uma população.

Os parâmetros genéticos, que são funções dos componentes de (co)variâncias, originam informações sobre a natureza genética das características, e são necessários para prever as respostas diretas e correlacionadas da seleção, para formular índices de seleção e para determinar o método de seleção.

Em ampla revisão sobre as estimativas de parâmetros genéticos para características de desempenho em gado de corte, MOHIUDDIN (1993) verificou que as herdabilidades para peso à desmama tinham limites inferiores e superiores de 0,06 a 0,63 em machos, de 0,00 a 0,69 em fêmeas e de 0,00 a 0,84 em machos e fêmeas, analisados conjuntamente. Para pesos a um ano, estas estimativas foram: de 0,04 a 0,73 em machos, de 0,16 a 0,71 em fêmeas e de 0,16 a 0,48 em machos e fêmeas.

As características de crescimento em gado de corte são afetadas não somente por sua própria genética, mas também por ambientes pré e pós-natal fornecidos pelas mães, além de outros fatores ambientais. Antes da desmama, o ambiente pré-natal, a produção de leite e a habilidade materna constituem importantes partes do ambiente,

com efeito sobre o animal jovem. A expressão da habilidade materna no desempenho do bezerro é confundida com a expressão dos genes para crescimento, metade dos quais recebe-se da mãe. Assim, a variabilidade genética para características de crescimento em gado de corte contém esta complexidade adicional do efeito materno. O conhecimento do tipo e da magnitude relativa da variação genética atribuída ao efeito materno, especialmente o “sinal” e a magnitude de correlação entre o efeito genético direto e materno de características com alta importância econômica, é crítico no delineamento de programas de melhoramento. Assim, ambos os efeitos genéticos diretos e maternos devem ser levados em consideração, para que seja obtido um ganho genético otimizado dentro de um programa de seleção.

MOHIUDDIN (1993) revisou os limites inferiores e superiores dos parâmetros: herdabilidade direta, materna e total e correlação entre efeito direto e materno, encontrando de 0,07 a 0,66 para herdabilidade direta, de 0,04 a 0,47 para herdabilidade materna, de 0,02 a 0,81 para herdabilidade total e de -0,78 a 0,25 para correlação entre efeito direto e materno.

Na prática do melhoramento animal, as decisões de seleção têm sido freqüentemente tomadas entre grupos de animais criados em ambientes distintos, os quais podem diferir tanto na média quanto na variabilidade, o que leva a diferentes estimativas de componentes de (co)variâncias e, conseqüentemente, a diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos.

HENDERSON (1984) mostrou que um dado modelo poderia estar associado a quaisquer das seguintes situações, com relação aos componentes de variância:

1) Correlação genética igual à unidade entre méritos em cada ambiente. Esta situação inclui interações genótipo-ambientes que resultam de diferenças absolutas, variando entre avaliações dos candidatos em ambientes diferentes. Neste caso, as possibilidades são:

i) variâncias genéticas aditivas e residuais iguais em todos os ambientes;

ii) variâncias genéticas aditivas iguais, mas variâncias residuais com magnitude dependente dos ambientes. Conseqüentemente, as herdabilidades variarão entre ambientes;

iii) variâncias genéticas aditivas que diferem de acordo com o ambiente e variâncias residuais constantes. As herdabilidades variarão com os ambientes;

iv) variâncias genéticas e residuais proporcionalmente variáveis, tal que as herdabilidades permaneçam constantes entre os ambientes; e

v) variâncias genéticas aditivas e residuais que mudam de tal forma, que as herdabilidades são variáveis.

2) Correlação genética menor que 1, entre desempenho dentro de ambientes diferentes.

A situação 1 (i) é a de característica única mais simples, e os valores genéticos podem ser estimados ao montar e resolver as famosas equações de modelos mistos (HENDERSON, 1963). Na situação 1 (ii), R não é mais o produto de uma matriz identidade e um escalar. Computacionalmente, as partições de quadrados mínimos são aquelas usadas para regressão ponderadas pelos pesos iguais aos recíprocos das variâncias residuais. Tal fato é idêntico a usar equações de modelos mistos se X , Z e Y são transformados, dividindo cada linha destas matrizes pelos seus desvios-padrão residuais pertinentes e α é redefinida como o recíproco da variância genética aditiva. As situações 1 (iii), (iv) e (v) envolvem equações de características múltiplas, com mérito genético em cada ambiente como uma característica diferente. Estas equações são caracterizadas por matrizes de variâncias-covariâncias genéticas singulares, porque os valores genéticos para

desempenho, em cada ambiente, estão linearmente relacionados com o multiplicador, que é a relação dos desvios-padrão genéticos aditivos nos dois ambientes. As variâncias do erro de predição não serão relacionadas neste caso. A matriz G é definida agora como o produto direto da matriz de variâncias e covariâncias singular, entre as características, com a matriz de parentesco genético aditivo. Esta será singular, portanto, G^{-1} não existe. A situação 1 (iii) pode parecer mais simples que os outros casos de matrizes G singulares. Porém, quando um modelo de touro é ajustado, o componente residual incluirá 75% da variância genética aditiva, de forma que tanto a variância de touro quanto a residual serão heterogêneas. Assim, nenhuma distinção adicional precisa ser feita entre estas três situações. A situação 2 é um exemplo de um problema de características múltiplas, em que G se torna o produto direto do numerador da matriz de parentesco não-singular e da matriz de variâncias-covariâncias genética aditiva. Se cada indivíduo tem um registro de desempenho em apenas um ambiente, a matriz R terá uma estrutura diagonal. Dificuldades computacionais surgem quando o número de características aumenta. Em circunstâncias especiais, as transformações canônicas apresentadas por THOMPSON (1979) podem ser usadas para reduzir os cálculos computacionais na montagem dessas equações para característica única.

MIRANDE e VAN VLECK (1985) estudaram a tendência das variâncias genéticas e fenotípicas para primeira produção de leite, conteúdo e produção de gordura de uma população de vacas da raça Holandesa e touros utilizados em inseminação artificial. As produções foram extratificadas por ano e por produção de rebanhos, de forma que os registros de produção ficaram assim distribuídos: um grupo de baixa produção com um sexto das informações; dois grupos com níveis intermediários de produção com um terço dos registros cada; e um grupo de alta produção com um sexto dos registros. Foram obtidos também os componentes de (co)variância para as transformações por meio das funções logaritmo natural e raiz quadrada, para as três características estudadas. A comparação das variáveis transformadas e não-transformadas por meio do desvio-padrão residual mostrou padrões similares de comportamento ao longo dos anos. Para as características em escala original, incrementos foram verificados de 1961 a 1980, tendo o incremento da variância

residual de 1976 a 1980 sido o mais drástico. Estes padrões de comportamento foram observados também para as características transformadas pelas funções raiz quadrática e logarítmica. As estimativas das variâncias residuais por ano e grupo de produção dos rebanhos para a escala original mostraram o padrão esperado, com maiores desvios-padrão sendo verificados com o aumento da produção. Sobre a escala de raiz quadrada, o padrão foi o mesmo da escala original, mas as diferenças entre os grupos foram menores (de 4 a 5%) para o grupo de alta produção. Os dados transformados pela função logarítmica apresentaram padrões diferentes das variáveis em escala original e raiz quadrada. Para todos os grupos foram observados maiores desvios-padrão, no início e no fim do período, e menores desvios-padrão nos períodos intermediários, ao longo dos anos. Os autores verificaram que os desvios-padrão na escala logarítmica foram maiores em níveis de baixa produção. As herdabilidades sobre as escalas original, raiz quadrada e logarítmica foram, essencialmente, as mesmas para cada ano de parto. Em aproximadamente todos os casos, as estimativas foram limitadas pela escala em raiz quadrada. As estimativas de herdabilidades, considerando ano e grupo de produção, foram totalmente variáveis, especialmente para os grupos de baixa e alta produção.

BROTHERSTONE e HILL (1986) investigaram a existência de heterogeneidade de variâncias por meio de cálculos de parâmetros populacionais, que foram confirmados por simulação e, então, aplicados aos dados de gado Holandês britânico. Os autores concluíram que há uma substancial heterogeneidade de variâncias na produção de leite entre rebanhos, que não é simplesmente um problema de escala, pois podem haver aspectos de manejo que contribuem para heterogeneidade, como o possível tratamento preferencial ministrado aos animais de melhores produções. A partir desses estudos, os autores derivaram uma fórmula por meio da qual os desvios da média de um rebanho poderiam ser ajustados. Como o procedimento de correção assume que a herdabilidade é igual em todos os rebanhos, se, por exemplo, somente a variação ambiental difere entre rebanhos, então os índices poderiam ser também variáveis dentro de rebanhos com variâncias fenotípicas baixas.

Por meio de dados simulados, GARRICK e VAN VLECK (1987) discutiram os aspectos da seleção em vários ambientes com heterogeneidades de variâncias, utilizando parâmetros que foram estimados de rebanhos da raça Holandesa, criados no nordeste dos Estados Unidos, com os ambientes categorizados com base na produção média. A simulação envolvia duas séries de parâmetros, com três ambientes cada, sendo o ambiente 3 representado pelos rebanhos de alta produção, que, foram também caracterizados pelo incremento da variância residual e herdabilidade na série de parâmetros II. Situações foram geradas, nas quais, cada touro teria um total de 15 filhas e as seis seguintes distribuições de filhas seriam:

- i) 5 filhas em cada um dos três ambientes;
- ii) 7 e 8 filhas nos ambientes 1 e 2, respectivamente;
- iii) 7 e 8 filhas nos ambientes 2 e 3;
- iv) 15 filhas no ambiente 1;
- v) 15 filhas no ambiente 2; e
- vi) 15 filhas no ambiente 3.

Três avaliações foram obtidas para a série de parâmetros I (a, b, c) e duas para a série de parâmetros II (a e c), em que

- a) usando matrizes R e G verdadeiras;
- b) usando variâncias verdadeiras para R e G, mas foram assumidas correlações genéticas unitárias entre os ambientes (portanto, G é uma matriz singular); e
- c) assumindo variâncias genéticas e residuais homogêneas para o ambiente 2, usando essas para serem aplicadas a todos os ambientes.

Com a série de parâmetros I, os resultados de menor eficiência ocorreram mais em virtude da deficiência em distribuir as filhas de touros por ambientes diferentes, do que quando foram usados parâmetros incorretos. Não houve, virtualmente, nenhum efeito prejudicial em assumir a ausência de interações genótipo-ambiente.

Além disto, houve pequena redução em eficiência ao ignorar a heterogeneidade presente, o que poderia estar relacionado com o uso de parâmetros homogêneos favoráveis à seleção de touros com progênie no ambiente 3. Neste houve a maior variância residual, no entanto, foi o ambiente de maior herdabilidade e, conseqüentemente, o preferido para selecionar animais, porque a acurácia da avaliação foi maior. A série de parâmetros II foi mais sensível à avaliação que usava componentes de variância incorretos. Para intensidades de seleção de 20 a 12%, os resultados das progênies distribuídas decaíram, com reduções de ganho comparado ao assumir homogeneidade. No caso de seleção muito intensa, assumir homogeneidade de variância pode reduzir severamente a eficiência de seleção. Neste caso, o ambiente mais variável (que é super-representado quando parâmetros homogêneos são usados) é o menos acurado para avaliações. O diferencial de seleção alcançado para touros com todas as seis distribuições das progênies variou de 98 a 92% dos alcançados quando foram usados os parâmetros corretos, com maior redução quando a seleção é mais intensa.

WINKELMAN e SCHAEFFER (1988) utilizaram 111.196 registros de primeira produção de leite de vacas Holandesas, no Canadá, com o objetivo de verificar a magnitude do problema de heterogeneidade de variâncias dentro de rebanhos destinados à avaliação de touros. Os rebanhos foram agrupados pelo nível de produção em: baixa (menor que 1 desvio-padrão abaixo da média),

média, e alta (maior que 1 desvio-padrão acima da média), de acordo com suas respectivas estimativas de variâncias de touro e residual. Desta forma, havia três níveis de variâncias de touros e três níveis de variância residual. Conseqüentemente, nove grupos de variâncias foram identificados. Três modelos foram utilizados, sendo um desconsiderando a heterogeneidade de variância e dois considerando a heterogeneidade, devendo ser ressaltado que nas estimativas de covariâncias entre os grupos de variâncias dos rebanhos assumiu-se uma G não-singular e no outro modelo assumiu-se uma matriz em que todas as correlações genéticas foram 1, o que reduziu a uma análise de característica simples. Os resultados obtidos demonstraram a impraticabilidade de estimativas de componentes de variância dentro de rebanhos, com poucas observações. As estimativas de (co)variâncias genéticas entre grupos de rebanhos indicaram que as correlações entre os três maiores grupos de variâncias estavam acima de 0,80. Tais correlações foram altas, portanto os concluíram que poderia haver pouco benefício nos cálculos para provas de touros se fosse usada uma G não-singular em vez de uma G singular. As correlações genéticas entre os outros grupos de variâncias foram baixas, em virtude do pequeno número de rebanhos e, conseqüentemente, do pequeno número de observações. Os autores também relataram que a acurácia da estimativa de componente de variância dentro de rebanhos poderia influenciar a efetividade da avaliação para a heterogeneidade de variâncias, uma vez que amostras de tamanhos pequenos poderiam conduzir a grandes erros de amostragem das estimativas.

FAMULA (1989) avaliou o uso de grupos de rebanhos divididos em níveis de produção baixo, médio e alto, dentro de uma base extratificada. Verificou-se o efeito desta extratificação a partir de dados simulados, e avaliou-se o viés esperado nas estimativas de variância quando os dados foram condicionados à “seleção” pela divisão em grupos de rebanhos por níveis de produção. As estimativas de variâncias residuais não foram afetadas (um máximo de 0,7% de viés relativo) pela divisão dos dados em grupos de rebanhos por produção. No entanto, as variâncias de touros foram substancialmente influenciadas pela extratificação dos dados de produção e as herdabilidades foram ligeiramente afetadas. O autor concluiu que a detecção

de heterogeneidade de variâncias deveria ser feita sobre um rebanho, ou sobre outra estratégia livre de seleção.

GARRICK et al. (1989) estudaram a heterogeneidade de variâncias direta e materna em características de peso por sexo e grau de sangue, na raça Simental. O objetivo do estudo foi quantificar a heterogeneidade para características de peso (ao nascer, à desmama e a um ano), particionando a variação em componentes genéticos diretos e maternos, para machos e fêmeas, separadamente. O poder da transformação das observações que poderiam resultar em variâncias genéticas e residuais homogêneas foi também avaliado. No estudo, foram quantificadas a heterogeneidade de variâncias fenotípicas por sexo e a porcentagem de raça Simental (1/2 sangue ou grau de sangue $\geq 3/4$ Simental), tendo sido demonstrado que o incremento da variância fenotípica resulta de incrementos nas partições genética direta, genética materna e residual. Além do mais, os incrementos na variância genética direta de machos, em relação a fêmeas, não foram proporcionais ao incremento na variância residual, portanto a herdabilidade é menor em machos do que em fêmeas. Os animais 1/2 sangue apresentaram menores variações do que os demais graus de sangue. A transformação das características teve efeito de reduzir, mas não de remover a heterogeneidade de variância para pesos ao nascer e à desmama, mantendo a tendência de os machos exibirem mais variação do que as fêmeas.

BOLDMAN e FREEMAN (1990) estudaram estimativas de variâncias para produção de leite em escala original e logarítmica, em três níveis de produção. Os componentes de variância estimados para cada nível aumentaram com o nível de produção para os dados em escala original. As variâncias genéticas para os dados em escala original aumentaram, dobrando do nível mais baixo para o alto. Nos dados transformados pela função logarítmica, os aumentos de variância genética foram menores do que nos dados originais. O comportamento das variâncias de ambiente permanente e residual foi contrário depois da transformação logarítmica, ou seja, as estimativas decresceram com o aumento do nível de produção. As herdabilidades foram ligeiramente baixas para o nível de baixa produção e similares para os níveis de médias e altas produções.

REVERTER et al. (1997) utilizaram o modelo misto multiplicativo, proposto por MEUWISSEN et al. (1996), para manipular os dados de características de carcaça com imagens de ultra-sonografia em animais da raça Angus, mensurados com aproximadamente 600 dias de idade, criados na Austrália. Quatro variáveis foram mensuradas: área de olho do lombo; gordura superficial no sítio P8; gordura superficial entre a 12^a e 13^a costelas, sobre o músculo logissimus; e peso quando da mensuração ultra-sonográfica. Em média, as estimativas de herdabilidades foram acrescidas de 4,2%, como resultado da correção da heterogeneidade, o que indica que o modelo misto multiplicativo pode ser implementado em estudos de características de carcaça em gado de corte.

TORRES (1998) verificou o impacto da heterogeneidade de variâncias na avaliação de vacas e touros da raça Holandesa, no Brasil, por meio de transformações e dividindo os rebanhos em três classes de desvio-padrão fenotípico. As médias de produção de leite e os componentes de variância genética, residual e fenotípica se elevaram com o aumento do desvio-padrão médio das classes. As herdabilidades não tiveram o mesmo comportamento, tendo as da classe de alto desvio-padrão sido semelhantes às da classe de baixo desvio-padrão. As transformações utilizadas (logarítmica; raiz quadrada; padronização com a média e o desvio-padrão fenotípico da classe; e divisão pelo desvio-padrão fenotípico da classe) não corrigiram a heterogeneidade entre as classes.

CREWS e FRANKE (1998) avaliaram a heterogeneidade de variância em características de carcaça em diferentes cruzamentos das raças Angus, Brahman, Charolês e Hereford, por meio do modelo misto, considerando como características múltiplas as diferentes porcentagens de alelos Brahman. Os dados foram agrupados em baixo (25% de alelos Brahman), médio (25 a 49% de alelos Brahman) e alto (50 a 100% de alelos Brahman). As estimativas dos componentes

de variância e as herdabilidades, considerando e desconsiderando a heterogeneidade de variâncias, foram variáveis e não seguiram o padrão de acréscimo com o aumento da porcentagem de alelos Brahman, como verificado em outras características de desenvolvimento ponderal, em outros estudos.

SEE (1998) analisou a heterogeneidade de variância em 21.877 registros de espessura de toucinho em suínos da raça Duroc, coletados em 11 granjas, por meio de análises para característica única para cada granja e para todas as granjas reunidas. Posteriormente, as granjas foram agrupadas de três em três e analisadas como características distintas. As herdabilidades entre as diferentes granjas apresentaram magnitudes que variaram de 0,35 a 0,73, sendo similares quando analisadas como características múltiplas.

MARQUES et al. (1999) estimaram componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de desenvolvimento ponderal para raça Simental, no Brasil. O estudo teve por base 7.039 registros de peso à desmama e 2.205 registros de peso aos 550 dias (sobreano), dentre outras características analisadas. Dos vários modelos adotados, verificou-se que as herdabilidades para efeito direto, materno e total para peso à desmama variaram de 0,08 a 0,12, de 0,07 a 0,12 e de 0,11 a 0,12, respectivamente. A correlação entre o efeito direto e materno, para os modelos adotados, proporcionou estimativas que variaram de -0,17 a -0,19. A herdabilidade para a característica peso aos 550 dias de idade foi de 0,25.

IBÁÑEZ et al. (1999) investigaram a heterogeneidade de variância na alteração dos componentes de variância aditiva e residual em rebanhos da raça Holandesa, na Espanha, por meio de métodos bayesianos, utilizando um modelo log-linear. As herdabilidades variaram pouco (de 0,20 a 0,30), o que evidencia que a correção prévia foi eficiente para estimação dos componentes

de variância para diferentes extratos de variabilidade.

BASCHNAGEL e KÜNZI (1999) avaliaram o efeito da inclusão da interação touro x rebanho como efeito aleatório, em relação ao peso à desmama de Angus suíço, e suas conseqüências na estimação de componentes de variâncias e parâmetros genéticos. Os modelos que incluíram a interação como efeito aleatório ajustavam-se significativamente melhor ($P < 0,01$) que os modelos que ignoravam a interação. As estimativas de herdabilidades direta e materna variaram de 0,12 a 0,24 e de 0,04 a 0,20, respectivamente. As correlações entre os efeitos diretos e maternos variaram de -0,16 a -0,5, o que evidencia que o antagonismo genético entre efeitos diretos e maternos seja causado também pela interação touro x rebanho.

FREITAS (2000) avaliou procedimentos para estimação de parâmetros genéticos para características de desenvolvimento ponderal em 3.526 registros em animais da raça Canchin. Foi verificada heterogeneidade de variâncias para os efeitos fixos de sexo, ano e época de nascimento, para as variáveis em escala original. Porém, não foi testada a heterogeneidade para funções logarítmicas, padronização e escores normais de Blom, sendo apenas estimados os componentes de variância e as respectivas herdabilidades. Para peso à desmama as

herdabilidades variaram muito pouco (de 0,5360 a 0,5560), e para peso ao sobreano o comportamento foi o mesmo (de 0,1475 a 0,1630).

2.3. Efeitos da heterogeneidade de variância na predição de valores genéticos

Um dos efeitos da heterogeneidade de variância que tem justificado o interesse pelo seu estudo é, sem dúvida, a possibilidade de mudança na classificação (*rank*) de reprodutores e matrizes. Estes animais, considerados de elite, são os responsáveis diretos pelo desenvolvimento global da pecuária.

ROBERTSON et al. (1960) foram pioneiros em identificar a necessidade de reconhecer se as herdabilidades diferiam entre os ambientes e se a posição de touros no *ranking* era afetada.

HILL (1984) reportou que as proporções selecionadas de diferentes grupos são substancialmente afetadas por diferenças de variabilidade fenotípica dentro de grupos. O autor simulou exemplos para seleção entre membros de dois grupos de igual tamanho e mesmas médias, mas com variâncias diferentes. No caso de taxas de 1,2 desvio-padrão e 0,01 (1%) de proporção de selecionados, em torno de três quartos (0,76) dos animais seriam tirados da população do grupo mais variável. Concluiu que, em seleção para desempenho, negligenciar a variabilidade dentro de grupo parece ser um esquema desapropriado, uma vez que, com a seleção intensa, grupos mais variáveis contribuiriam com mais animais. Uma sugestão apresentada pelo autor seria a transformação de escala, utilizando a estimativa do desvio-padrão, o que propiciaria que os animais não sejam selecionados nos grupos mais variados.

GARRICK e VAN VLECK (1987) verificaram aspectos da seleção em vários ambientes com heterogeneidades de variâncias, utilizando dados

simulados. Para intensidades de seleção de 20 a 12% houve reduções de ganho, pelo fato de a seleção ser muito intensa. Os autores concluíram que assumir homogeneidade poderia reduzir severamente a eficiência de seleção, uma vez que o ambiente mais variável é o menos acurado para avaliações. O diferencial de seleção alcançado para touros, com todas as seis distribuições das progênes estudadas, variou de 98 a 92% dos alcançados quando foram usados os parâmetros corretos, com maior redução quando a seleção foi mais intensa.

VISON (1987) revisou as possíveis conseqüências da heterogeneidade de variância dentro de rebanhos, assim como alguns procedimentos alternativos de ajustamento. Com relação à avaliação genética de touros, verificou-se que o efeito geral, pelo fato de desconsiderar a heterogeneidade de variâncias, é que os desempenhos das filhas dos touros serão ponderados pela proporção do desvio-padrão dos rebanhos nos quais as filhas são criadas. Como resultado, o desempenho das filhas em rebanhos mais variáveis influenciaria mais do que o desempenho de filhas em rebanhos menos variáveis. O efeito da heterogeneidade de variância na avaliação de vacas é considerado mais sério pelo autor, pelo fato de as vacas geralmente expressarem todos os seus registros em um único rebanho, que tende a permanecer regularmente constante sobre o tempo, com relação à variação. Ao ignorar a heterogeneidade de variância no cálculo das avaliações de vacas, poderia-se estar favorecendo bastante as produções superiores nas altas variâncias, bem como o oposto, em que as produções em rebanhos de baixas variâncias seriam discriminadas como de baixa produção. A importância prática deste viés pode ser refletida na avaliação de vacas para serem mães de touros utilizados em inseminação artificial. O autor conclui que são necessários métodos eficientes e efetivos para estabilizar as diferenças de variância de rebanho para rebanho.

WINKELMAN e SCHAEFFER (1988), ao estudarem as primeiras produções de leite de vacas Holandesas, no Canadá, verificaram estimativas de (co)variância genética entre nove grupos de rebanhos e encontraram coeficientes de correlação entre os três maiores grupos de variâncias acima de 0,80. Tais correlações foram altas, portanto os autores consideraram que poderia haver pouco benefício nos cálculos para provas de touros. As

correlações genéticas entre os outros grupos de variâncias foram baixas por causa do pequeno número de rebanhos e, conseqüentemente, do pequeno número de observações.

SULLIVAN e SCHAEFFER (1989) investigaram a heterogeneidade de variâncias regionais e seus efeitos sobre a avaliação de touros canadenses da raça Holandesa. Os touros foram avaliados dentro e entre as regiões, assumindo ou ignorando a heterogeneidade de variâncias regionais. No caso de heterogeneidade, as estimativas de componentes de variâncias regionais foram assumidas para cada região. No caso de homogeneidade, a média das estimativas ponderadas pelo número de registros efetivos em cada região foi assumida. Touros com acurácia ($r_{vp} > 0,75$) nas provas regionais com mais de uma região foram escolhidos para examinar o efeito de assumir razões de variâncias. As herdabilidades variaram, o que evidencia a existência de heterogeneidade regional, porém a correlação de *ranking* entre as provas com todos os touros e com as provas nas múltiplas regiões, assumindo e desconsiderando a homogeneidade de variâncias, ficou próxima da unidade. Os autores concluíram que a heterogeneidade de variâncias regionais pode, provavelmente, ser ignorada, como era até então, sem afetar seriamente o *ranking* nacional de touros Holandeses para produção de leite.

GARRICK et al. (1989) estudaram a heterogeneidade de variâncias direta e materna em características de peso por sexo e grau de sangue, da raça Simental, concluindo que se a heterogeneidade for ignorada nas avaliações a variância do erro de predição iria aumentar, mas os preditores poderiam manter-se não-viesados. No entanto, a regressão do mérito predito sobre o real não seria a unidade, resultando em super ou subestimativas nas avaliações de animais, dependendo da subclasse. No caso, a avaliação que usa parâmetros homogêneos os touros superiores seriam subestimados, pelo fato de a base ser, predominantemente, de registros de fêmeas ou de 1/2 sangue, em que foi demonstrado existir menor variabilidade residual.

BOLDMAN e FREEMAN (1990) analisaram o *rank* dos melhores touros (5%) e constatam que 23 dos 26 melhores touros do modelo com variância ajustada também foram agrupados entre os 5% melhores no modelo não-ajustado, o que indica que a distribuição por nível de produção das filhas não foi aleatória. O número de touros em comum no modelo com variâncias

ajustadas foi o mesmo para os dados em escala original e transformados pela função logarítmica. As avaliações de vacas, no entanto, foram mais sensíveis para a heterogeneidade de variâncias, em que, para todos os modelos, maiores porcentagens de vacas-elite foram encontradas nos rebanhos de alto nível de produção. As porcentagens de vacas-elite decresceram com o aumento do nível de produção dos rebanhos.

WIGGANS e VAN RADEN (1991) verificaram que o método de ajuste previamente preconizado melhorou as avaliações, pois ficou evidenciado o acréscimo de touros amostrados em regiões de variância baixa. Também, verificou-se a mudança nos rebanhos que contribuíam com vacas-elite, em direção àqueles com variância média, em relação à não-utilização de correções para a heterogeneidade de variância.

MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993) verificaram efeitos da heterogeneidade de variâncias fenotípicas dentro de rebanhos sobre o progresso genético anual, sobre os vícios nos valores genéticos e sobre a regressão dos valores genéticos, em relação aos estimados para as mães de touros em esquemas de melhoramento para gado de leite, por meio de simulação, comparando esquemas de “núcleo aberto” (MOET) e esquemas de teste de progênie. Os ganhos genéticos foram maiores em esquemas de núcleo aberto do que em esquemas de teste de progênie. As regressões dos valores genéticos verdadeiros em relação aos estimados de touros, por núcleo de avaliação de mães, decresceram rapidamente quando as variâncias eram heterogêneas (47%). Quando os efeitos de rebanho-ano foram incluídos, os coeficientes de regressão foram menos reduzidos. O viés foi determinado pela diferença entre o valor genético verdadeiro e o estimado de touros por núcleo de mães. O valor genético de touros por núcleo de mães foi superestimado quando as variâncias eram heterogêneas. Novamente, a correção para os efeitos de rebanho-ano diminuiu os efeitos da heterogeneidade de variância. Os diferenciais de seleção das mães de touros teriam sido reduzidos nos esquemas heterogêneos de teste de progênie, se os efeitos de rebanho-ano não fossem incluídos no modelo animal. Os autores concluíram que ignorar a heterogeneidade de variâncias não causaria grande redução no ganho genético, porém o viés nas estimativas de valor genético para vacas-elite pode ser substancial. A distribuição de vacas-elite dentro dos rebanhos distorceu em

direção aos rebanhos mais variáveis, podendo levar à seleção de poucas vacas em rebanhos de núcleos abertos.

REVERTER et al. (1997), utilizando modelo misto multiplicativo para os dados de características de carcaça com imagens de ultra-sonografia em animais da raça Angus, verificaram o impacto da correção da heterogeneidade de variâncias, por meio de correlações de Pearson e Spearman, entre as classificações ordenadas (*rank*) de valores genéticos, com e sem a correção. Os resultados deste trabalho indicaram que alguma melhora na predição dos valores genéticos pode ser obtida pela correção da heterocedasticidade entre rebanhos, o que evidencia que o modelo misto multiplicativo pode ser implementado em características de carcaça para gado de corte.

PUJOL et al. (1998) estudaram o efeito da heterogeneidade de variâncias entre quatro rebanhos para características de produção (espessura de toucinho e peso aos 160 dias) em suínos, na Espanha, por meio do modelo multiplicativo proposto por KACHMAN e EVERETT (1983). Os resultados mostraram que a magnitude dos fatores de correção foi proporcional às variâncias antes do ajuste. Depois do ajuste, as variâncias passaram a ser relativamente da mesma ordem. As correlações de Pearson e de Spearman antes e depois da correção foram da ordem de 0,98, para ambas as características. No entanto, maiores mudanças foram observadas para os animais nas posições extremas do *ranking*. Quando o grupo dos 10% melhores foi analisado, 8% mudaram em até 178 posições para a característica peso aos 160 dias, quando a heterogeneidade foi considerada. Para a característica gordura de cobertura, no grupo dos 10% melhores, 18% mudaram de posições. Os resultados evidenciam que ignorar a heterogeneidade pode levar a importantes vieses quando se comparam animais oriundos de diferentes ambientes.

TORRES (1998), verificando o impacto da heterogeneidade de variâncias na avaliação de touros da raça Holandesa, concluiu que na avaliação genética de reprodutores torna-se importante considerar a variabilidade dentro de níveis de produção, pois, sob seleção, as classes mais variáveis contribuíram com a maior parte dos animais, e a avaliação genética do animal poderia ser mais função de seu ambiente do que de seu potencial genético.

CREWS e FRANKE (1998) também avaliaram a heterogeneidade de variância em características de carcaça de diferentes cruzamentos em gado de corte, por meio de correlações de Pearson entre os valores genéticos, considerando e desconsiderando a heterogeneidade. As estimativas para as correlações variaram de 0,70 a 0,99. Os autores consideram que correlações abaixo de 0,90 poderiam resultar em classificações errôneas de animais, o que poderia levar à menor acurácia na predição de valores genéticos e diminuir o progresso genético.

SEE (1998), ao analisar a heterogeneidade de variância em registros de espessura de toucinho em suínos da raça Duroc, relatou que houve considerável variação nas correlações genéticas entre as avaliações genéticas, considerando as granjas agrupadas de conjuntos de três como características múltiplas (de -0,98 a 0,99). O autor sugeriu que, apesar de existir alto nível de conexão entre os rebanhos, a possível causa das correlações negativas seria as grandes diferenças de manejo, que não são documentadas nos dados, o que dificulta detectar a causa das interações observadas.

ROBERT-GRANIÉ et al. (1999) utilizaram um modelo linear misto, assumindo variâncias residuais heterogêneas e proporções constantes e conhecidas em análises de produção de leite, gordura e proteína em rebanhos da raça Holandesa, Montbeliarde e Normanda, na França. As correlações entre os valores genéticos estimados entre as características estudadas variaram, em geral, de 0,993 a 1,000 para touros e de 0,991 a

0,999 para as vacas. Porém, para as 1.000 vacas consideradas elite nas três diferentes raças, as correlações variaram de 0,560 a 0,980. Foi também verificado que os rebanhos com maior variabilidade ainda continuavam a contribuir com maior proporção de vacas-elite, em relação aos rebanhos com baixa variabilidade.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Origem dos dados

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos no Grupo de Melhoramento Animal, pertencente ao Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (GMA/ZAB – FZEA – USP), Pirassununga, São Paulo, e referem-se ao controle de desenvolvimento ponderal de animais da raça Nelore (PC e PO), provenientes de três rebanhos pertencentes à empresa Agropecuária CFM Ltda. Dois dos rebanhos estão localizados na região oeste do Estado de São Paulo e um, no Estado no Mato Grosso do Sul.

Os rebanhos são explorados, visando a venda de animais para abate e a venda de reprodutores (matrizes e touros) geneticamente avaliados. Os touros geneticamente superiores são encaminhados às Centrais de Coleta de Sêmen e, posteriormente, comercializados em leilão público, juntamente com as fêmeas superiores.

O sistema de criações a campo é adotado nas três fazendas do grupo, com suplementação de sal mineralizado à vontade. As pastagens

que predominam nas fazendas são constituídas por brachiária (*Brachiaria decumbens*). Quando do preparo dos animais para leilão, estes são confinados, recebendo capim-elefante (*Pennisetum purpureum*, Schum), variedade 'Napier', fornecido picado e misturado com concentrado à vontade.

Os rebanhos são, sistematicamente, vacinados contra febre-aftosa, brucelose, carbúnculo, pneumoenterite e raiva, fazendo-se, também, o controle de ecto/endoparasitas e tuberculose.

3.2. Dados analisados

O conjunto inicial de dados possuía 122.652 registros de pesos à desmama (PD), 35.708 registros de pesos ao sobreano (PS) e 35.578 registros de ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), originários de animais nascidos entre 1984 e 1998 e distribuídos em três rebanhos.

Os grupos contemporâneos para peso à desmama foram caracterizados por animais nascidos em mesmo rebanho, no mesmo ano, na mesma estação, de mesmo sexo e no mesmo grupo de manejo até a desmama. Para formação dos grupos contemporâneos para peso ao sobreano e para ganho de peso da desmama ao sobreano, além dos efeitos supracitados incluiu-se o grupo de manejo da desmama ao sobreano.

Os dados foram editados para eliminar registros que apresentavam erros, informações incompletas, animais filhos de pais desconhecidos (supostamente filhos de reprodutores múltiplos) e progênie de touros que

só apareciam em um grupo contemporâneo (animais nascidos no mesmo rebanho, ano, estação, sexo e grupo de manejo). Além destas eliminações, as classes de grupos contemporâneos com menos de duas observações foram descartadas.

Após as eliminações, os conjuntos finais dos dados para as análises ficaram constituídos de 44.454, 28.493 e 28.399 registros de pesos à desmama, pesos ao sobreano e ganhos de peso da desmama ao sobreano, respectivamente. As eliminações feitas nos conjuntos de dados encontram-se no Quadro 1.

A distribuição das características de desenvolvimento ponderal dos animais nos arquivos finais, por rebanho, sexo, ano de nascimento e mês de nascimento, encontra-se nos Quadros 2, 3, 4 e 5, respectivamente.

Os arquivos de pedigree, para formação da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM), usados nas análises para as características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) encontram-se no Quadro 6.

Quadro 1 - Causas das eliminações e números de registros perdidos para as características de desenvolvimento ponderal, peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano

Quadro 2 - Distribuição das características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o rebanho

| | % | % | % |
|--|-------|-------|-------|
| | | 15,8 | 15,8 |
| | 23,6 | 15,9 | 15,7 |
| | 58,1 | 68,3 | 68,5 |
| | 100,0 | 100,0 | 100,0 |

N = número de observações.

Quadro 3 - Distribuição das características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o sexo dos animais

N = número de observações.

Quadro 4 - Distribuição das características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o ano de nascimento do animal

N = número de observações.

Quadro 5 - Distribuição das características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o mês de nascimento do animal

N = número de observações.

Quadro 6 - Composição dos arquivos de pedigree para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano

3.3. Métodos de análises

3.3.1. Análise de característica única

As observações das características de desenvolvimento ponderal peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) foram descritas de acordo com os modelos

mistos “a”, “b” e “c”, respectivamente.

Modelo “a”:

$$y_{ijkl} = \mu + g + a_{ij} + m_{ijk} + p_{ijk} + b_1 (lv_{ijkl} - \bar{lv}) + b_2 (lv_{ijkl} - \bar{lv})^2 + b_3 (la_{ijkl} - \bar{la}) + b_4 (la_{ijkl} - \bar{la})^2 + e_{ijk}$$

em que

y_{ijkl} = peso à desmama do animal j , da classe de grupo contemporâneo à desmama i ;

μ = constante inerente a todas observações;

g_i = efeito fixo da classe de grupo contemporâneo à desmama i ;

a_{ij} = efeito aleatório aditivo direto, com média 0 e variância σ_a^2 ;

m_{ijk} = efeito aleatório aditivo indireto (materno), com média 0 e variância σ_m^2 ;

p_{ijk} = efeito aleatório permanente de meio do animal k , com média 0 e variância σ_{pe}^2 ;

b_1 e b_2 = coeficientes de regressão linear e quadrático da característica y_{ijkl} em relação à idade da vaca ao parto;

lv_{ijkl} = idade da vaca k ao parto i , em meses, incluída no modelo como covariável;

\bar{lv} = média de idade das vacas ao parto;

b_3 e b_4 = coeficientes de regressão linear e quadrático da característica y_{ijkl} em relação à idade do animal à desmama;

la_{ijkl} = idade do animal j à desmama, em dias, da vaca k , no parto i , observado no grupo contemporâneo à desmama i ;

\bar{la} = média de idade à desmama dos animais; e

e_{ijk} = efeito aleatório residual associado ao peso à desmama do animal j , na classe de grupo contemporâneo à desmama i , e filho da vaca k , no parto i , com média 0 e variância σ_e^2 .

Modelo “b”:

$$y_{ij} = \mu + g_i + a_{ij} + b_1 (Ia_{ij} - \bar{Ia}) + e_{ij}$$

em que

y_{ij} = peso ao sobreano do animal j , da classe de grupo contemporâneo ao sobreano i ;

μ = constante inerente a todas observações;

g_i = efeito fixo da classe de grupo contemporâneo ao sobreano i ;

a_{ij} = efeito aleatório aditivo direto, com média 0 e variância σ_a^2 ;

b_1 = coeficientes de regressão linear da característica y_{ij} em relação à idade do animal ao sobreano;

Ia_{ij} = idade do animal j ao sobreano, em dias, observado no grupo contemporâneo ao sobreano i ;

\bar{Ia} = média de idade ao sobreano dos animais; e

e_{ij} = efeito aleatório residual associado ao peso ao sobreano do animal j , na classe de grupo contemporâneo ao sobreano i , com média 0 e variância σ_e^2 .

Modelo “c”:

$$y_{ij} = \mu + g_i + a_{ij} + e_{ij}$$

em que

y_{ij} = ganho de peso, da desmama ao sobreano do animal j , da classe de grupo contemporâneo ao sobreano i ;

μ = constante inerente a todas observações;

g_i = efeito fixo da classe de grupo contemporâneo ao sobreano i ;

a_{ij} = efeito aleatório aditivo direto, com média 0 e variância σ_a^2 ; e

e_{ij} = efeito aleatório residual associado ao ganho de peso da desmama ao sobreano do animal j , na classe de grupo contemporâneo ao sobreano i , com média 0 e variância σ_e^2 .

Em notação matricial, o modelo linear para obtenção de BLUP nas análises para característica única, que desconsidera os diferentes níveis de variabilidade, para o Modelo “a”, é dado por:

$$y = Xb + Za + Wm + Sp + e$$

em que

y = vetor de observações;

b = vetor de efeitos fixos;

a = vetor de efeito aleatório genético de animal (efeito direto);

m = vetor de efeito aleatório genético materno (efeito indireto);

p = vetor de efeito aleatório permanente de meio;

e = vetor de efeito aleatório residual; e

X , Z , W e S = matrizes de incidência relativa às observações para os efeitos fixos, de animal, maternal e de ambiente permanente, respectivamente.

É assumido que,

$$\text{Var} \begin{bmatrix} u \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que

g_{11} = variância genética aditiva para o efeito direto;

g_{22} = variância genética aditiva para o efeito materno;

g_{12} = covariância genética aditiva entre o efeito direto e o materno;

σ_{pe}^2 = variância devido ao efeito permanente de meio; e

σ_e^2 = variância residual;

A variância residual de y é dada por:

$$\text{Var} [y] = [Z \ W] \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A \\ g_{21}A & g_{22}A \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Z' \\ W' \end{bmatrix} + S \sigma_{pe}^2 S' + \sigma_e^2$$

O melhor estimador linear não-viesado (BLUE) das funções estimáveis de b e o BLUP de u , m e p são obtidos pela solução das seguintes equações de modelos mistos:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'S \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha_1 & Z'W + A^{-1}\alpha_2 & Z'S \\ W'X & W'Z + A^{-1}\alpha_2 & W'W + A^{-1}\alpha_3 & W'S \\ S'X & S'Z & S'W & S'S + I\alpha_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ S'y \end{bmatrix}$$

em que

$$G = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{21} & g_{22} \end{bmatrix} \therefore G^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix},$$

$$\begin{bmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 \\ \alpha_2 & \alpha_3 \end{bmatrix} = \sigma_e^2 \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix} e$$

$$\alpha_4 = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$$

Para os modelos “b” e “c”, o melhor estimador linear não-viesado (BLUE) das funções estimáveis de b e o BLUP de u foram obtidos pela solução das equações de modelos mistos anteriormente mencionadas, com as devidas modificações. Para o modelo “b”, foram retirados os efeitos aleatórios aditivo indireto (materno) e de ambiente permanente, bem como a covariável idade de vaca ao parto, e para o modelo “c”, ambos os efeitos aleatórios e também as covariáveis foram retirados.

Todas as observações para as características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) foram transformadas, de acordo com as seguintes funções:

- (Observação - média do grupo contemporâneo)/desvio-padrão amostral do grupo contemporâneo.
- Observação/desvio-padrão amostral do grupo contemporâneo.
- Logaritmo na base 10 da observação.
- Raiz quadrada da observação.

3.3.2 Teste para verificação da heterogeneidade de variância

Com base nas estatísticas descritivas dentro das diferentes classes de grupo contemporâneo das características de desenvolvimento ponderal, foi aplicado o teste de Bartlett (BARTLETT, 1937), para verificar a existência de heterogeneidade de variância nas classes de grupos contemporâneos para as variáveis em escala original e nas variáveis transformadas. Como relatado por GILL (1985) e NETER et al. (1985), o teste de Bartlett é recomendado para classes com números desiguais de repetições.

A estatística do teste é dada por:

$$B = \frac{1}{C} \left[(gl_T) \cdot \log_e \bar{\hat{\sigma}}^2 - \sum_{i=1}^r (gl_i) \cdot \log_e \hat{\sigma}_i^2 \right]$$

em que

$$C = 1 + \frac{1}{3(r-1)} \left[\sum_{i=1}^r \frac{1}{gl_i} - \frac{1}{gl_T} \right];$$

$$\bar{\hat{\sigma}}^2 = \frac{1}{gl_T} \sum_{i=1}^r gl_i \hat{\sigma}_i^2;$$

$$gl_T = \sum_{i=1}^r gl_i;$$

gl_i = graus de liberdade associados às variâncias amostrais $\hat{\sigma}_i^2$; e

\log_e = logaritmo na base e.

Sob H_0 : $\sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_r^2$, $B \sim \chi^2$, com $r - 1$ graus de liberdade.

Para os dados em escala original que apresentaram resultados

significativos ($P < 0,05$) no teste de Bartlett, adotou-se, pela ordem, a seguinte estratégia: i) as classes de grupos contemporâneos foram ordenadas de forma crescente, em função da magnitude da variância de cada classe; ii) as classes de grupos contemporâneos foram divididas em dois subgrupos, com metade das classes em cada um dos subgrupos; iii) aplicou-se novamente o teste de Bartlett dentro de cada subgrupo; e iv) caso a estatística do teste se mostrasse significativa dentro de um dos subgrupos, as variâncias eram consideradas heterogêneas, realizava-se nova subdivisão dentro deste subgrupo e retornava-se ao passo (ii); caso contrário, o subgrupo de classes era considerado, por possuir variâncias homogêneas entre as diferentes classes, e as características de desenvolvimento ponderal eram tratadas como uma variável dependente distinta, condição necessária às posteriores análises de componentes de variância (Figura 1).

Utilizando esta estratégia, os registros de desenvolvimento ponderal para peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em escalas originais, foram divididos em três grupos ou níveis de variabilidade (baixo, médio e alto), de forma a conter variâncias homogêneas dentro das subclasses de grupos contemporâneos agrupados em um determinado nível, e heterogêneas entre os grupos ou níveis de variabilidade.

Os números de observações e de grupos contemporâneos e a frequência dos registros para as características de desempenho

ponderal avaliadas por nível de variabilidade, estão no Quadro 7.

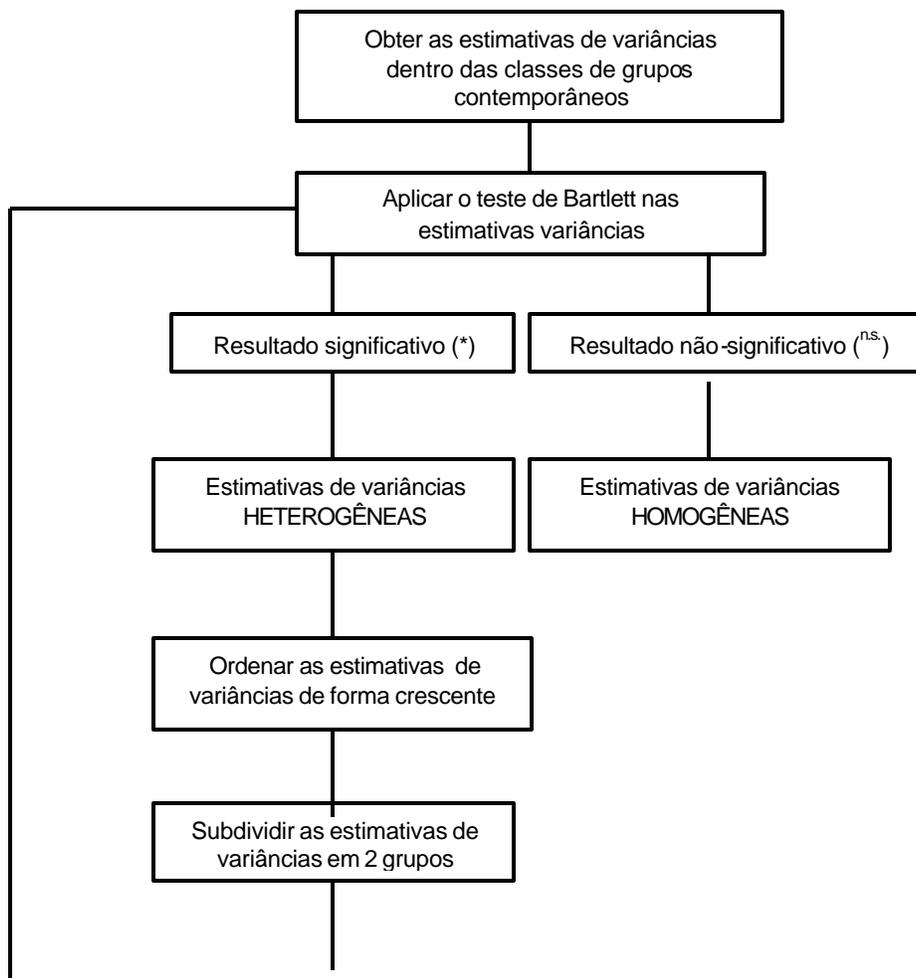


Figura 1 - Esquema da estratégia utilizada para divisão dos níveis de variabilidade dentro das classes de grupos contemporâneos, para as três características de desenvolvimento ponderal, em escala original e para os dados transformados.

Quadro 7 - Número de observações, número de grupos contemporâneos e frequência dos registros para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano por nível de variabilidade

C
a
r
a
c
t
e
r
í
s
t
i
c
a

P
e
s
o

à

d
e
s
m
a
m
a
N
ú
m
e
r
o
d
e
o
b
s
e
r

va
çõ
es
N
ú
m
er
o
de
gr
up
os
co
nt
e
m
po
râ
ne
os
Fr
eq
üê
nc
ia
do
s
re
gis
tro
s
de
ntr
o
do
ní
ve
l
(%)
)

**Pe
so
ao
so
br
ea
no**
N
ú
m
er
o
de
ob
ser
va
çõ
es
N
ú

m
er
o
de
gr
up
os
co
nt
e
m
po
râ
ne
os
Fr
eq
üê
nc
ia
do
s
re
gis
tro
s
de
ntr
o
do
ní
ve
l
(%
)

**G
an
ho
de
Pe
so**
N
ú
m
er
o
de
ob
ser
va
çõ
es
N
ú
m
er
o
de
gr
up

os
co
nt
e
m
po
râ
ne
os
Fr
eq
üê
nc
ia
do
s
re
gis
tro
s
de
ntr
o
do
ní
ve
l
(%
)

3.3.3. Análises considerando as classes de heterogeneidade de variâncias

Neste trabalho, adotou-se como critério de agrupamento o resultado significativo ($P < 0,05$) do teste de Bartlett, para variâncias dos grupos contemporâneos das características em estudo. Este critério foi utilizado para formação de classes dentro das quais as variâncias eram homogêneas. As análises foram realizadas para obtenção de componentes de (co)variância para as características de desenvolvimento ponderal, de acordo com os modelos “a”, “b” e “c”, para o peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), respectivamente, considerando cada nível de variabilidade como uma característica

distinta em análises de características múltiplas.

Segundo MRODE (1996), em notação matricial, o modelo linear bi-característica para obtenção do BLUE e do BLUP, considerando os diferentes níveis de variabilidade, dois a dois (baixo/médio e médio/alto), para o modelo “a” como características distintas, é dado por:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} S_1 & 0 \\ 0 & S_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que

y_i = vetor de observações para o nível de variabilidade i ;

b_i = vetor de efeitos fixos para o nível de variabilidade i ;

a_i = vetor de efeito aleatório genético de animal (efeito direto) para o nível de variabilidade i ;

m_i = vetor de efeito aleatório genético materno (efeito indireto) para dois níveis de variabilidade i ;

pe_i = vetor de efeito aleatório permanente de meio para o nível de variabilidade i ;

e_i = vetor de efeito aleatório residual para a característica i ; e

X_i , Z_i , W_i e S_i = matrizes de incidência relativas às observações de dois níveis de variabilidade i , para os efeitos fixos, de animal, materno e de ambiente permanente.

Foi assumido que

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ m_1 \\ m_2 \\ pe_1 \\ pe_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}^A & g_{12}^A & g_{13}^A & g_{14}^A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{21}^A & g_{22}^A & g_{23}^A & g_{24}^A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{31}^A & g_{32}^A & g_{33}^A & g_{34}^A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{41}^A & g_{42}^A & g_{43}^A & g_{44}^A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & q_{11} & q_{12} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & q_{21} & q_{22} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & r_{11} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & r_{22} \end{bmatrix}$$

em que

g_{ij} = elementos de G e g_{ij} são a covariância genética aditiva entre as variáveis i e j , em que $i = 1, 2$ referem-se ao efeito direto para dois níveis de variabilidade 1, 2; $i = 3, 4$ referem-se ao efeito indireto (materno) para dois níveis de variabilidade 1 e 2;

q_{ij} = elementos de Q , matriz de variâncias e covariâncias para os efeitos permanentes de meio; e

r_{ij} = os elementos de R , matriz identidade de variâncias para os efeitos residuais.

As equações de modelos mistos para obtenção do BLUP de a , m_i e pe_i e do BLUE das funções estimáveis de b_i foram dadas por:

$$\begin{bmatrix} \hat{b}^0 \\ \hat{a} \\ \hat{m} \\ \hat{pe} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W & X'R^{-1}S \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + k_1 & Z'R^{-1}W + k_2 & Z'R^{-1}S \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z + k_2 & W'R^{-1}W + k_3 & W'R^{-1}S \\ S'R^{-1}X & S'R^{-1}Z & S'R^{-1}W & S'R^{-1}S + I \otimes Q^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \\ S'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

em que

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}, b^0 = \begin{bmatrix} b_1^0 \\ b_2^0 \end{bmatrix}, \hat{u} = \begin{bmatrix} \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix}, \hat{m} = \begin{bmatrix} \hat{m}_1 \\ \hat{m}_2 \end{bmatrix} \text{ e } \hat{p} = \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix};$$

$$X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}, Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}, W = \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \text{ e } S = \begin{bmatrix} S_1 & 0 \\ 0 & S_2 \end{bmatrix};$$

$k_1 = A^{-1} \otimes G_1$; $k_2 = A^{-1} \otimes G_2$ e $k_3 = A^{-1} \otimes G_3$ com,

$$G_1 = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix}; G_2 = \begin{bmatrix} g^{13} & g^{14} \\ g^{23} & g^{24} \end{bmatrix} \text{ e } G_3 = \begin{bmatrix} g^{33} & g^{34} \\ g^{43} & g^{44} \end{bmatrix}$$

Nessas expressões e equações, \otimes denota o produto direto das matrizes g^{ij} , como descrito anteriormente no modelo que desconsidera os diferentes níveis de variabilidade. Para os modelos “b” e “c”, o melhor estimador linear não-viesado (BLUE) das funções estimáveis de b e o BLUP de a foram obtidos pela solução das equações de modelos mistos para as características múltiplas mencionadas, com as devidas modificações. Para o

modelo “b”, foram retirados os efeitos aleatórios aditivo indireto (materno) e de ambiente permanente, bem como a covariável idade de vaca ao parto, e para o modelo “c” ambos os efeitos aleatórios e também as covariáveis foram retirados.

As análises que desconsideram e consideram a heterogeneidade de variâncias, bem como para os dados transformados, foram realizadas pelo programa MTDFREML, utilizando o modelo animal e o método da máxima verossimilhança restrita (BOLDMAN et al., 1995).

3.3.4. Critérios de Convergência adotados

Visando diminuir ao máximo o número de iterações quando da avaliação da função de verossimilhança, foi utilizada a “estratégia B” proposta por VERNEQUE (1994). Assim, as análises foram executadas, tomando por base os “valores iniciais” como sendo os componentes de variância (σ_i^2 e σ_j^2) resultantes das análises para característica única. O valor inicial de um componente de covariância (σ_{ij}) foi estimado ao fixar os componentes de variância obtidos em análises de características únicas de cada um dos níveis de variabilidade (σ_i^2 e σ_j^2), após o que se procedeu a uma análise para obtenção desta estimativa do componente de covariância (σ_{ij}), com os dois componentes de variância (σ_i^2 e σ_j^2) fixos. As análises posteriores foram conduzidas sem fixar quaisquer componentes (σ_i^2 , σ_{ij} e σ_j^2) dos modelos propostos.

O critério de convergência adotado para o término de uma análise, tanto para característica única quanto para múltiplas, foi aquele em que a variância do simplex atingisse 10^{-9} , por pelo menos dois “recomeços”, com parâmetros estimados em rodada anterior, sem variação do -2λ na sexta casa decimal. Para as análises de características múltiplas para peso à desmama, dado à complexidade das estimativas, o critério de convergência adotado foi aquele em que a variância do simplex atingisse 10^{-6} , por pelo menos dois

“recomeços”, com parâmetros estimados em rodada anterior, sem variação do -2Λ na segunda casa decimal.

3.3.5. Correlações entre valores genéticos

Os valores genéticos dos reprodutores, sem considerar os níveis de variabilidade ou considerando tais níveis, assim como utilizando dados transformados, foram avaliados por meio da correlação momento produto de Pearson e da correlação de Spearman, utilizando o procedimento PROC CORR do programa *Statistical Analysis System*, versão 6.12 (SAS, 1995).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de características únicas para as características de desenvolvimento ponderal

As médias, os desvios-padrão, os mínimos, os máximos e os coeficientes de variação para 44.454, 28.493 e 28.399 registros de pesos à desmama, pesos ao sobreano e ganhos de peso da desmama ao sobreano, respectivamente, em escala original, e para suas transformações pela padronização, divisão pelo desvio-padrão amostral, logaritmo na base 10 e raiz quadrada, estão apresentados no Quadro 8.

Observa-se que, para as três características avaliadas, transformações logarítmica e raiz quadrada acarretaram em diminuição das medidas de dispersão dos dados, verificada por meio dos desvios-padrão e respectivos coeficientes de variação. Esta tendência foi observada também para a transformação, pela função de divisão pelo desvio-padrão amostral para a

característica peso à desmama, porém com menor intensidade sob o padrão dispersivo verificado na variável, quando em escala original. A tendência de redução das medidas de dispersão não foi observada quando da divisão pelo desvio-padrão amostral para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano. As padronizações para as três características avaliadas não apresentaram desvios-padrão iguais a 1, pelo fato de ter sido utilizado o desvio-padrão particular a cada classe grupo contemporâneo.

Quadro 8 - Médias (MED), desvios-padrão (DP), mínimos (MIN), máximos (MAX) e coeficientes de variação (CV) para a característica peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, em escala original e transformadas

As três características em escalas originais e transformadas foram submetidas ao teste de Bartlett, utilizando as variâncias particulares de cada grupo contemporâneo. Resultados significativos ($P < 0,05$) foram verificados para as

características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, em escala original e para suas respectivas transformações pelas funções logarítmica e raiz quadrada. Estes resultados indicam que, mesmo com a redução das medidas de dispersão das variáveis transformadas, estas não foram suficientes para homogeneizar as variâncias dos grupos contemporâneos. As transformações de padronização e a divisão pelo desvio-padrão amostral não apresentaram resultados significativos ($P > 0,05$) para o Teste de Bartlett.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta e genética aditiva materna, da covariância genética entre o efeito direto e materno, dos componentes de variância ambiente permanente, residual e fenotípica, bem como as herdabilidades obtidas nas análises de características únicas dos registros de peso à desmama em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, estão nos Quadros 9 e 10.

Quadro 9 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$) e materna ($\hat{\sigma}_m^2$), da covariância genética entre efeito direto e materno ($\hat{\sigma}_{am}$), dos componentes de ambiente permanente ($\hat{\sigma}_{pe}^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípico ($\hat{\sigma}_p^2$), para a característica peso à desmama em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, obtidas em análises de característica única

Quadro 10 - Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e correlações genéticas entre o efeito genético direto e materno (r_{am}) para a característica peso à desmama em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, obtidas em análises de característica única

As relações entre os componentes de variância genética aditiva direta e residual para a característica peso à desmama em escala original e transformadas foram 1,74, 1,56 e 1,56, respectivamente. As relações entre os componentes de variância mantiveram-se próximas para as transformações de padronização e divisão pelo desvio-padrão amostral. Todavia, para as transformações utilizadas foram verificadas reduções ligeiramente maiores de variância residual do que de variância genética aditiva direta, o que resultou em valores mais elevados de herdabilidades para as variáveis transformadas em relação à escala original.

As relações entre os componentes de variância genética aditiva materna e residual para a característica peso à desmama em escala original e transformadas foram 12,22, 11,45 e 11,45,

respectivamente. A tendência de incremento discreto nas estimativas de herdabilidade do efeito materno também foi mantida, devido à pequena redução do componente de variância residual.

GARRICK et al. (1989), estudando as características de crescimento em gado de corte, verificaram tendências similares em relação aos aumentos nas estimativas de herdabilidades diretas e maternas para a variável peso à desmama em escala original ($h^2_d = 0,36$ e $h^2_m = 0,19$) e utilizando a mudança de escala ($h^2_d = 0,38$ e $h^2_m = 0,20$).

O aumento nas estimativas de herdabilidade direta para as variáveis transformadas, em relação à escala original, foi reportada por EVERETT e KEOWN (1984), MIRANDE e VAN VLECK (1985), bem como por DE VEER e VAN VLECK (1987), em estudos que envolviam gado leiteiro de países com clima subtropical.

No Brasil, VALÊNCIA et al. (1996) verificaram que as transformações aumentaram as estimativas das herdabilidades. A tendência verificada neste estudo também está de acordo com os relatos de TORRES (1998), que trabalhando com bovinos leiteiros de raça Holandesa e com as mesmas transformações, observou estimativas superiores em relação à escala original.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual e fenotípica, assim como as herdabilidades obtidas nas análises para característica única dos registros de peso ao sobreano e de ganho de peso da desmama ao sobreano, em escala original,

padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, estão no Quadro 11.

As relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual para a característica peso ao sobreano em escala original e transformadas foram, respectivamente, 1,28, 1,04 e 1,04. As relações entre os componentes de variância apresentaram reduções proporcionalmente maiores de variância residual do que a variância genética aditiva, o que resultou em valores mais altos de herdabilidades para as variáveis transformadas em relação à escala original.

As relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual para a característica ganho de peso em escala original e transformadas foram, 2,86, 2,71 e 2,71, respectivamente. As relações entre os componentes de variância foram próximos à relação observada em escala

Quadro 11 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$) e de herdabilidades para peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, obtidos nas análises de característica única

Escala original

Padronizado

Divisão pelo desvio-padrão

Escala original

Padronizado

Divisão pelo desvio-padrão

original. As reduções observadas foram, em termos proporcionais, ligeiramente maiores para a variância residual do que para a variância genética aditiva. Porém, estas reduções não foram suficientes para proporcionar maiores alterações nas estimativas de herdabilidades.

GARRICK et al. (1989), trabalhando com a característica ganho de peso pós-desmama, observaram estimativas de herdabilidades para registros em escala original entre três diferentes porcentagens de alelos Simental e sexo, variando de 0,19 a 0,26. Para os dados transformados, as estimativas aumentaram suas magnitudes para valores de 0,40 a 0,88.

Essa tendência de aumento nas estimativas para dados transformados, em relação à escala original, também foi verificada em bovinos leiteiros criados em países de clima subtropical, conforme os relatos de EVERETT e KEOWN (1984), MIRANDE e VAN VLECK (1985) e DE VEER e VAN VLECK (1987). No Brasil, VALÊNCIA et al. (1996) verificaram incrementos nas estimativas das herdabilidades para registros de produção de leite transformados. TORRES (1998), ao trabalhar com bovinos leiteiros e utilizando quatro transformações, também verificou estimativas de herdabilidades superiores em relação à escala original.

Utilizando a estratégia proposta neste estudo, as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, em escalas

originais, padronizadas e divididas pelo desvio-padrão amostral, foram divididas em três níveis de variabilidade: baixa, média e alta. Dentro de cada nível, as variâncias foram consideradas homogêneas ($P>0,05$) pelo teste de Bartlett. Os números de registros, médias, desvios-padrão, mínimos, máximos e coeficientes de variação para as três características, em escala original, dentro dos três níveis de variabilidade estão apresentados no Quadro 12.

Quadro 12 - Número de registros (N), médias (MED), desvios-padrão (DP), mínimo (MIN), máximo (MAX) e coeficiente de variação (CV) para peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, em escala original, dentro dos níveis de variabilidade considerados

Observa-se que as estimativas de médias e desvios-padrão aumentaram com a elevação do nível de variabilidade. Esta relação de aumento das médias em função do aumento do nível de variabilidade tem sido evidenciada em estudos que tratam da heterogeneidade de variância, principalmente em gado leiteiro, como reportado por HILL et al. (1983), POWELL et al. (1983), RAMOS et al. (1996) e TORRES (1998).

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta e materna, da covariância entre o efeito genético direto e materno, dos componentes de

variância ambiente permanente, residual e fenotípica, bem como das herdabilidades direta e materna e da correlação entre o efeito genético direto e materno, obtidas em análises de característica única dos registros de peso à desmama, em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, dentro dos três níveis de variabilidade, estão apresentados nos Quadros 13 e 14. As Figuras 2 e 3 permitem observar as alterações nos componentes de variância genética aditiva direta, materna e residual, para a característica peso à desmama, em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, em relação aos diferentes níveis de variabilidade.

Quadro 13 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), materna ($\hat{\sigma}_m^2$), da covariância entre genética aditiva direta e materna ($\hat{\sigma}_{am}$) e dos componentes de ambiente permanente ($\hat{\sigma}_{pe}^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), para a característica peso à desmama em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de característica única

As estimativas dos componentes de variância para peso à desmama em escala original, obtidas por análises de característica única, considerando cada um dos níveis de variabilidade, apresentaram relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual de 1,94, 1,86 e 1,85, para os níveis de variabilidade baixa, média e alta, respectivamente. Verifica-se que estas diferenças nas relações dos componentes não foram suficientes para promover alterações nas

estimativas de herdabilidades diretas, uma vez que mantiveram-se sempre constantes.

Quadro 14 - Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e de correlações genéticas entre o efeito genético direto e materno (r_{am}) para a característica peso à desmama em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de característica única

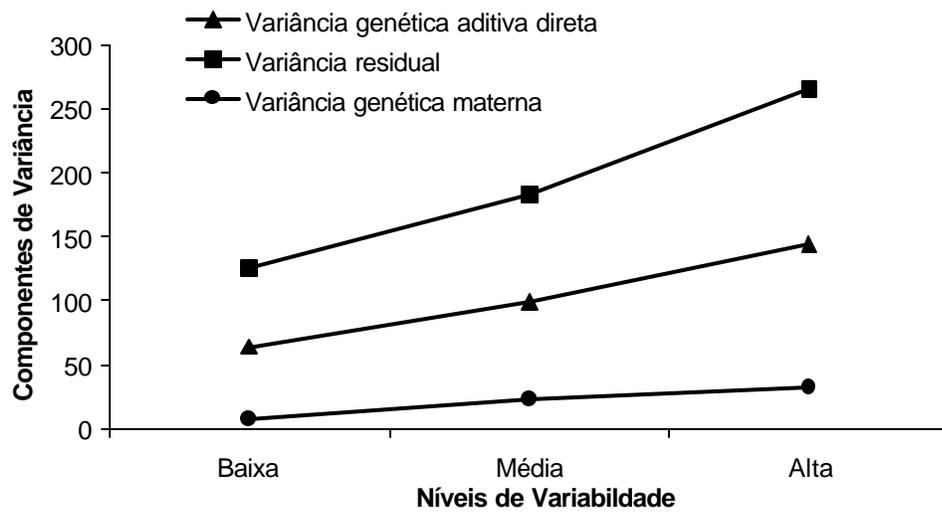


Figura 2 - Componentes de variância genética aditiva direta, materna e residual para a característica peso à desmama em escala original, obtidos em análises de característica única para os diferentes níveis de variabilidade.

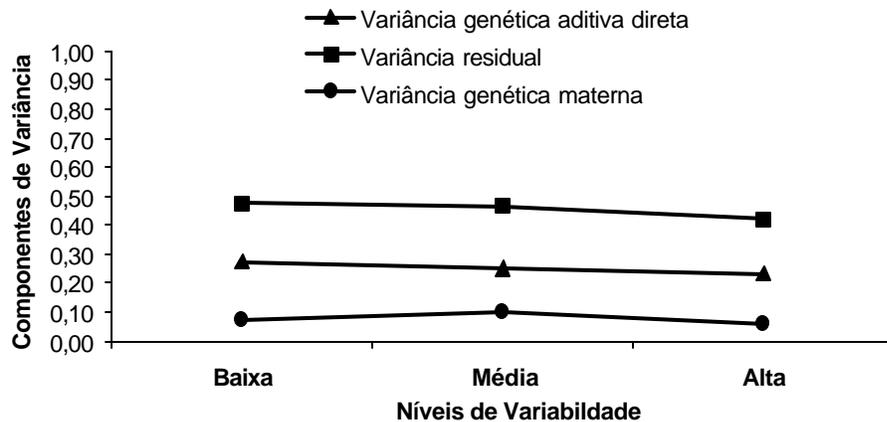


Figura 3 - Componentes de variância genética aditiva direta, materna e residual para a característica peso à desmama em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, obtidos em análises de característica única para os diferentes níveis de variabilidade.

As estimativas dos componentes de variância para peso à desmama em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, apresentaram relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual de 1,72, 1,86 e 1,81, para os níveis de variabilidade baixa, média e alta, respectivamente. Verifica-se que, para o nível de variabilidade baixa, a relação destes componentes foram suficientes para promover uma discreta alteração na estimativa de herdabilidade direta, em relação aos níveis médio e alto.

Para as estimativas dos componentes de variância genética aditiva materna e residual para peso à desmama em escala original, as relações foram 16,65, 8,09 e 8,18, para os níveis de variabilidade baixa, média e alta. Observa-se que estas mudanças nas relações foram responsáveis por alterações nas magnitudes das estimativas das

herdabilidades maternas, com o aumento do nível de variabilidade oscilando de baixo para o médio e alto. Este fato ocorreu como consequência de o aumento da variância aditiva materna ter sido proporcionalmente maior que o aumento verificado na variância residual, da classe baixa para a classe média e alta. Da classe baixa para a média, os aumentos de variância residual e aditiva materna foram de 46,9 e 202,0% respectivamente. Da classe média para a alta esses aumentos foram de 44,5 e 45,3%.

Para as estimativas dos componentes de variância genética aditiva materna e residual para peso à desmama em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, as relações foram de 6,51, 4,66 e 7,50, para os níveis de variabilidade baixa, média e alta, respectivamente. Observa-se que estas mudanças nas relações também foram responsáveis por alterações nas magnitudes das estimativas das herdabilidades maternas, com o aumento do nível de variabilidade médio em relação aos níveis baixo e alto. Este fato ocorreu como consequência de a redução da variância aditiva materna ter sido proporcionalmente maior que o aumento verificado na variância residual, da classe baixa para média, em relação à classe média para alta. Da classe baixa para a média, a redução de variância residual foi de 2,0% e o aumento da variância aditiva materna foi de 37,0%. Da classe média para a alta, as reduções de variância residual e aditiva materna foram de 8,0 e 41,0%, respectivamente.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual e fenotípica, assim

como as herdabilidades obtidas nas análises para característica única dos registros de peso ao sobreano, em escala original e transformadas, dentro dos níveis de variabilidade baixa, média e alta, estão no Quadro 15. As Figuras 4 e 5 permitem visualizar as alterações nos componentes de variância genética aditiva e residual para as características em escalas originais e transformadas, em relação aos diferentes níveis de variabilidade.

As estimativas dos componentes de variância para a característica peso ao sobreano em escala original, obtidas por análises de característica única, considerando cada um dos níveis de variabilidade, apresentaram relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual de 3,53, 1,86 e 1,45, para os níveis baixo, médio e alto, respectivamente. De maneira geral, observa-se que os componentes de variância genética aditiva aumentaram com a elevação dos níveis de variabilidade de baixo para alto. As estimativas de herdabilidades tiveram o mesmo comportamento, incrementando seus valores com o aumento dos níveis de variabilidade de baixo para alto. Este fato ocorreu como consequência de o aumento de variância aditiva ter sido proporcionalmente maior que o aumento verificado na variância residual entre as classes dos níveis de variabilidade. Da classe baixa para a média, os aumentos das variâncias residuais e genéticas aditivas foram de 27,8 e 141,3%, respectivamente. Da classe média para alta, esses aumentos foram de 58 e 104,8%.

Quadro 15 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$) e herdabilidades para a

característica peso ao sobreano em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de característica única

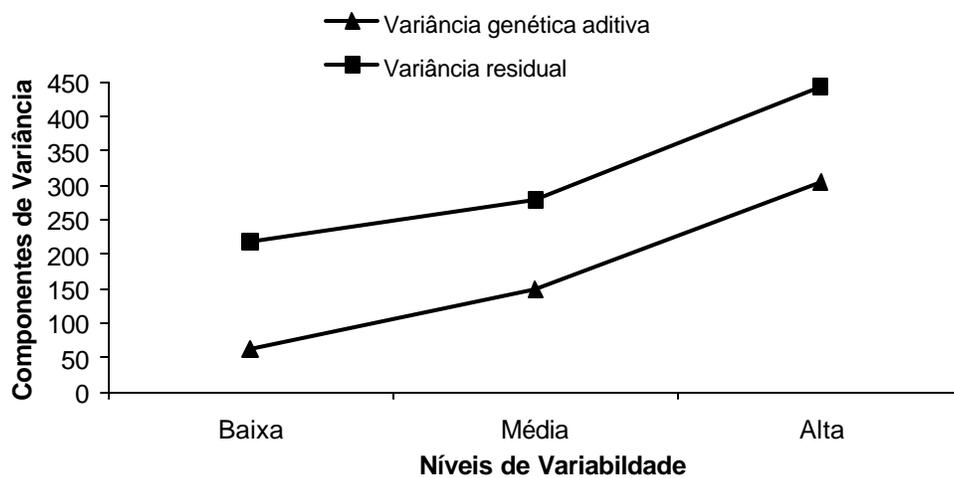


Figura 4 - Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única, nos diferentes níveis de variabilidade, para peso ao sobreano em escala original.

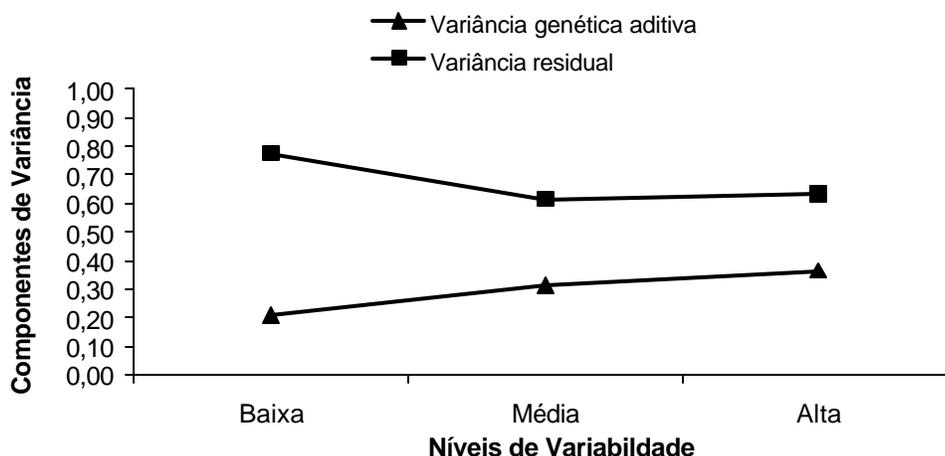


Figura 5 - Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única, nos diferentes níveis de variabilidade, para peso ao sobreano em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral.

As estimativas dos componentes de variância para a característica peso ao sobreano em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, obtidas por análises de característica única, considerando cada um dos níveis de variabilidade, apresentaram relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual de 3,71, 1,96 e 1,74, para os níveis baixo, médio e alto, respectivamente. De modo geral, observa-se que os componentes de variância genética aditiva aumentaram com a elevação dos níveis de variabilidade de baixo para alto. As estimativas de herdabilidades tiveram o mesmo comportamento, aumentando seus valores com o incremento dos níveis de variabilidade de baixo para alto. Este fato ocorreu como consequência de o aumento de variância aditiva ter sido proporcionalmente maior que o aumento verificado na variância

residual entre as classes dos níveis de variabilidade. Da classe baixa para a média, houve redução das variâncias residuais em 20,7% e as variâncias genéticas aditivas aumentaram em 50,2%. Da classe média para alta, esses aumentos foram de 2,9 e 15,9%.

HILL et al. (1983), DE VEER e VAN VLECK (1987), BOLDMAN e FREEMAN (1990) e DONG e MAO (1990) relataram aumentos nas estimativas de herdabilidades com o incremento dos níveis de variabilidade para bovinos leiteiros, em países de clima temperados. No Brasil, VALÊNCIA et al. (1996) e TORRES (1998), estudando também bovinos leiteiros, verificaram que as herdabilidades não foram homogêneas entre os diferentes níveis de variabilidade.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual e fenotípica, assim como as herdabilidades obtidas nas análises para característica única dos registros de ganho de peso da desmama ao sobreano, em escala original e transformadas, dentro dos níveis de variabilidade baixa, média e alta, estão no Quadro 16. As Figuras 6 e 7 ilustram o comportamento dos componentes de variância genética aditiva e residual para as características em escalas originais e transformadas, em relação aos diferentes níveis de variabilidade.

As estimativas dos componentes de variância, obtidas por análises de característica única para ganho de peso em escala original, considerando cada um dos níveis de variabilidade, apresentaram relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual de 3,54, 2,57 e 2,69, para os níveis

baixo, médio e alto, respectivamente. De modo geral, observa-se que os componentes de variância genética aditiva aumentaram com o incremento dos níveis de variabilidade de baixo para alto. As estimativas de herdabilidades tiveram o mesmo comportamento da característica em escala original, atingindo o valor máximo no nível médio e apresentando uma redução de 2% no nível de variabilidade de alta. Este fato ocorreu como consequência de o aumento de variância aditiva ter sido proporcionalmente maior que o aumento verificado na variância residual entre as classes dos níveis de variabilidade baixa e média (141,2% para variâncias residuais e de 27,8% na variância genética, respectivamente). Em relação às classes de variabilidade média e alta, os aumentos de variância genética aditiva foram proporcionalmente menores que o verificado na variância residual (de 104,2% para variâncias residuais e redução de 58,7% na variância genética, respectivamente).

As estimativas dos componentes de variância, obtidas por análises de característica única para ganho de peso em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, considerando cada um dos níveis de variabilidade, apresentaram relações entre os componentes de variância genética aditiva e residual de 3,53; 2,46 e 2,66, para os níveis baixo, médio e alto, respectivamente. De modo geral, observa-se que os componentes de variância genética aditiva não aumentaram com o incremento dos níveis de

Quadro 16 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$) e herdabilidades para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de características única

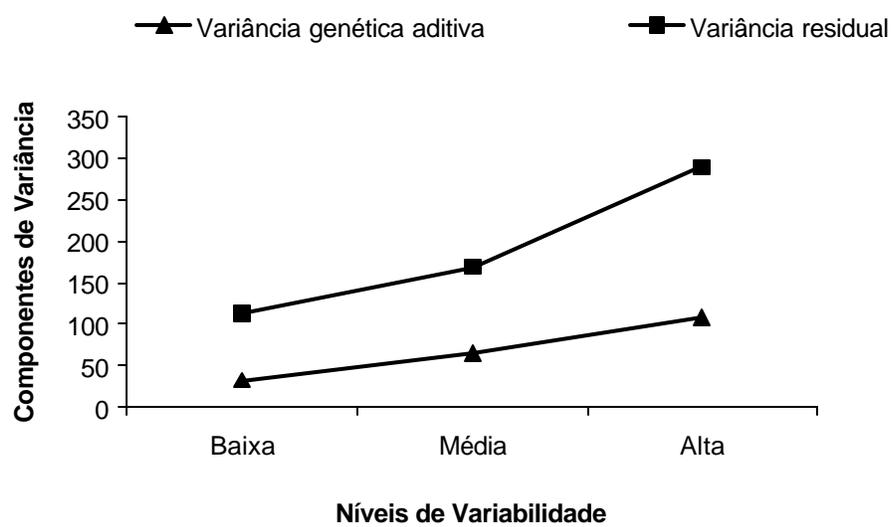


Figura 6 - Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única nos diferentes níveis de variabilidade, para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original.

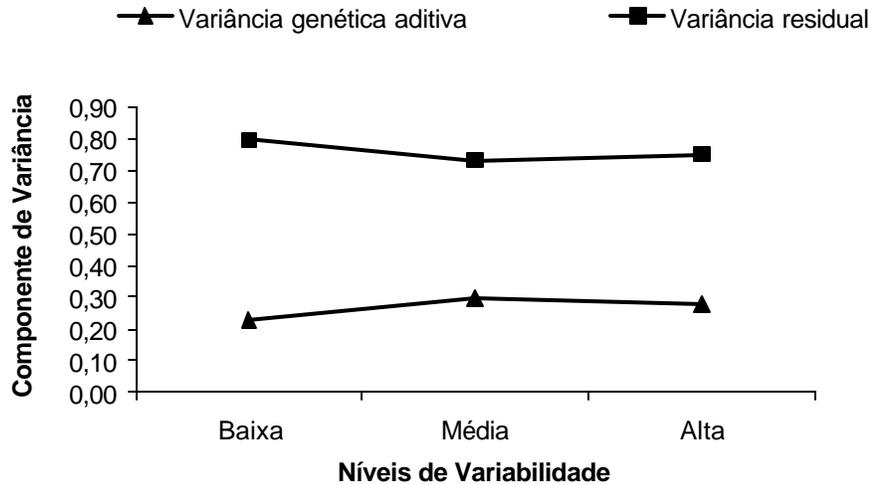


Figura 7 - Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de característica única nos diferentes níveis de variabilidade, para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral.

variabilidade de baixo para alto. As estimativas de herdabilidades não tiveram o mesmo comportamento de incremento, atingindo o valor máximo no nível médio e apresentando uma redução de 1% no nível de variabilidade de alta. Este fato ocorreu como consequência de o aumento de variância aditiva ter sido proporcionalmente maior (32%) e a redução na variância residual entre as classes dos níveis de variabilidade baixa e média ter sido de 8%. Entre as classes de variabilidade média e alta, houve redução da variância genética aditiva em 5,8% e aumento de 2,5% para a variância residual.

Esses resultados contrariam os relatos de HILL et al. (1983), DE VEER e VAN VLECK (1987), BOLDMAN e FREEMAN (1990) e DONG e MAO (1990), que verificaram aumentos nas estimativas de herdabilidades com o aumento dos

níveis de variabilidade para bovinos leiteiros, em países de clima temperados. Entretanto, estão de acordo com VALÊNCIA et al. (1996) e TORRES (1998), que estudando registros de produção de leite, verificaram que as herdabilidades não seguiram o padrão de aumento com níveis de variabilidade.

4.2. Análises de características múltiplas para as características de desenvolvimento ponderal

Foram realizadas análises conjuntas, considerando os três níveis de variabilidade, baixa, média e alta, como características distintas, com o objetivo de verificar o impacto nos componentes de variância em relação aos obtidos nas análises de característica única, em que são desprezadas as diferentes classes de variabilidade.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta e materna, da covariância entre os efeitos genéticos diretos e maternos nos respectivos dos níveis de variabilidade, dos componentes de variância de ambiente permanente, residual e fenotípica, assim como das herdabilidades direta e materna e das correlações genéticas diretas e maternas para a característica peso à desmama em escala original, estão apresentadas nos Quadros 17 e 18. A Figura 8 ilustra as alterações nos componentes de variância genética aditiva direta e residual em relação aos diferentes níveis de variabilidade, quando das análises para características múltiplas.

As estimativas dos componentes de variância obtidas nas análises de características múltiplas

apresentaram as seguintes relações entre os componentes de variância genética aditiva direta e residual: 1,61 e 1,99, em análises com os níveis de variabilidade baixa e média; e 1,51 e 1,36, em análises com os níveis de variabilidade média e alta. Observa-se que no nível de variabilidade média, da análise conjunta baixa e média, houve um aumento da variância residual proporcionalmente maior que o aumento de variância genética aditiva direta nesta classe de variabilidade. Da classe baixa para a média, os incrementos das variâncias residuais e genéticas aditivas diretas foram de 54 e 24%, respectivamente. Tal comportamento culminou em redução na magnitude da estimativa de herdabilidade direta para o nível de variabilidade média, nas análises conjuntas dos níveis baixo e médio. Esta tendência não foi verificada nas análises conjuntas dos níveis de variabilidade média e alta.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva indireta (materna) e residual apresentaram as seguintes relações: 5,69 e 3,96, em análises com os níveis de variabilidade baixa e média; e 4,57 e 4,34, em análises com os níveis de variabilidade média e alta. Novamente, pode-se verificar que aumento da variância residual foi proporcionalmente maior que o

Quadro 17 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), materna ($\hat{\sigma}_m^2$), das covariâncias genéticas aditivas diretas e maternas ($\hat{\sigma}_{aa}$ e $\hat{\sigma}_{mm}$) e dos componentes de ambiente permanente ($\hat{\sigma}_{pe}^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípico ($\hat{\sigma}_p^2$), para a característica peso à desmama em escala original nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de características múltiplas

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

Quadro 18 - Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e correlações genéticas entre os efeitos genéticos diretos e maternos (r_{aa} e r_{mm}) para a característica peso à desmama em escala original nos três níveis de variabilidade, obtidas em análises de característica múltiplas

Baixa^{1/}

Média^{1/}

Média^{2/}

Alta²

¹Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

²Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

aumento de variância genética aditiva indireta. Da classe baixa para a

média, os incrementos das variâncias residuais e genéticas aditivas indiretas foram de 54 e 121%, respectivamente. Este incremento promoveu uma considerável redução na magnitude da estimativa de herdabilidade materna para o nível de variabilidade média, nas análises conjuntas dos níveis baixo e médio.

Os componentes de variância genética aditiva direta e materna foram maiores que os obtidos em análises de característica única, e os componentes de variância residual foram menores, o que culminou em herdabilidades maiores para as análises de características múltiplas, com exceção da

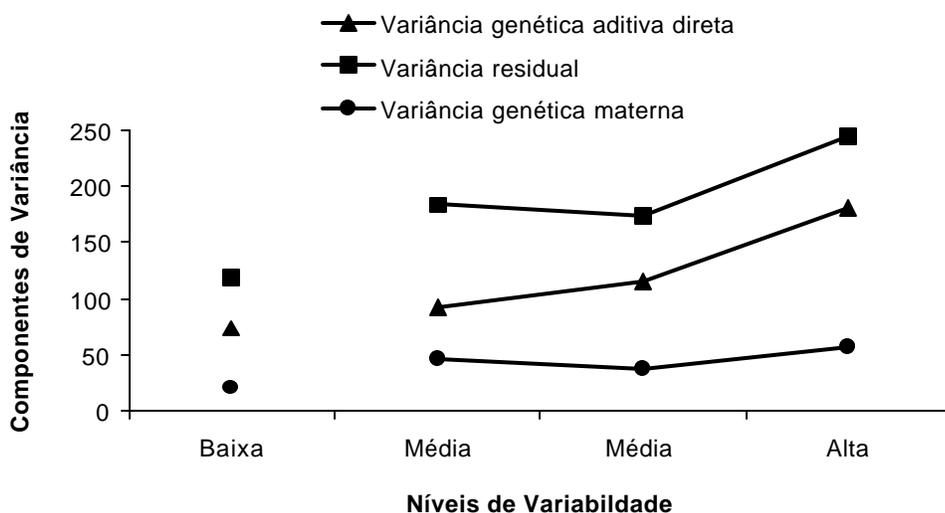


Figura 8 - Componentes de variância genética aditiva direta, materna e residual obtidos em análises de características múltiplas, entre os diferentes níveis de variabilidade, para peso à desmama em escala original.

estimativa de herdabilidade para o nível de variabilidade média, obtido nas análises conjuntas para os níveis baixo e médio. A provável explicação para este incremento nas estimativas das variâncias genéticas aditivas (direta e materna) é o aumento do número de informações nas análises

conjuntas, utilizando as relações entre os animais nos diferentes níveis de variabilidades e, assim, resgatando maiores porções destas variâncias genéticas aditivas, que eram direcionadas ao componente residual. As estimativas das herdabilidades demonstraram comportamento de incremento em função do aumento dos níveis de variabilidade.

As estimativas de correlações genéticas diretas e maternas entre os diferentes níveis de variabilidade foram altas e sem maiores variações entre as classes de variabilidade, assumindo os valores de 0,97 a 1,00. Observa-se que as correlações entre os níveis de variabilidade mais altos apresentaram maior associação genética direta e materna. Estas correlações indicam que os reprodutores seriam classificados com modestas mudanças na ordem entre os diferentes níveis de variabilidade.

Nos Estados Unidos, BOLDMAN e FREEMAN (1990) encontraram correlações genéticas superiores entre os níveis de produção baixo e médio, e médio e alto (de 0,99 e 1,02). No Brasil, RORATO et al. (1996), ao verificarem as produções de leite oriundas de filhas de um mesmo touro em diferentes níveis, relataram valores de correlações inferiores aos obtidos neste estudo, com variações de 0,33 (entre os níveis baixo e médio) a 0,98 (entre os níveis médio e alto). TORRES (1998), ao estudar as correlações genéticas na avaliação de heterogeneidade de variância para raça Holandesa, relatou estimativas de correlações superiores a 0,90 entre as diferentes classes de desvio-padrão amostral, para produção total de leite

na primeira lactação ajustada para idade adulta. Para produção total de leite na primeira lactação, ajustada para idade adulta e 305 dias de lactação, os valores de correlação foram, também superiores a 0,90.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual e fenotípica, bem como das herdabilidades e correlações genéticas obtidas em análises para características múltiplas para a característica peso ao sobreano em escala original, estão apresentadas no Quadro 19. A Figura 9 ilustra as alterações nos componentes de variância genética aditiva e residual em relação aos diferentes níveis de variabilidade, quando das análises de características múltiplas.

As estimativas dos componentes de variância, obtidas nas análises de características múltiplas para o nível de variabilidade baixa, apresentaram as seguintes relações entre os componentes de variância aditiva e residual, em relação às análises com o nível de variabilidade média e alta: 2,19 e 1,74. Para o nível de variabilidade média, estas relações em análises com o nível baixo e alto foram de 1,58 e 1,21, respectivamente. Para o nível de variabilidade alta, as relações em análises com o nível baixo e médio foram: 1,31 e 1,22, respectivamente. Observa-se que as relações entre os componentes foram melhorada, quando comparadas com as dos componentes estimados em análises de característica única.

Os componentes de variância genética foram maiores que os obtidos em análises de característica única, e os componentes de variância

residual foram menores, o que culminou em herdabilidades maiores para as análises de características múltiplas. A provável explicação para este incremento nas estimativas de variância genética aditiva é o aumento do número de informações nas análises conjuntas, utilizando as relações entre os animais nos diferentes níveis de variabilidades e, assim, filtrando maiores proporções de variância genética aditiva, que eram adicionadas ao componente residual.

Quadro 19 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), herdabilidades e correlações genéticas (r_a) para a característica peso ao sobreano em escala original, obtidos em análises de características múltiplas

Baixa^{1/}

Média^{1/}

Baixa^{2/}

Alta^{2/}

Média^{3/}

Alta^{3/}

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

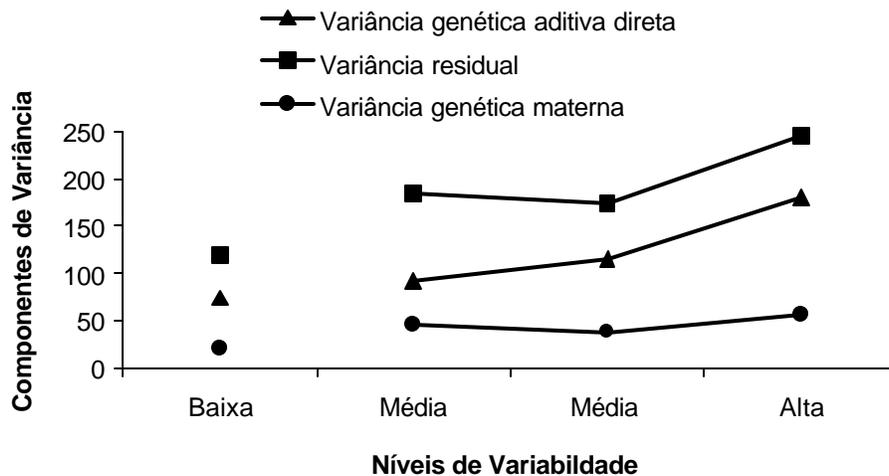


Figura 9 - Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de características múltiplas, entre os diferentes níveis de variabilidade, para peso ao sobreano em escala original.

As estimativas das herdabilidades continuaram com o comportamento de incremento em função do aumento dos níveis de variabilidade. Este incremento é verificado, inclusive, quando é avaliado dentro de um mesmo nível, como, por exemplo, o nível baixo em análise conjunta com níveis médio e alto.

As estimativas de correlações genéticas entre os níveis de variabilidade baixo, médio e alto foram altas (de 0,93 a 0,99). Observa-se que as correlações entre os níveis de variabilidade próximos foram mais altas, ou seja, entre os níveis baixo e médio (0,97) e entre os níveis médio e alto (0,99), provavelmente pela maior associação genética entre estes níveis. Estas correlações indicam que os reprodutores seriam classificados

na mesma ordem entre os diferentes níveis de variabilidade.

Nos Estados Unidos, BOLDMAN e FREEMAN (1990), encontraram correlações genéticas entre os níveis de produção baixo e médio de 0,99, baixo e alto de 0,90 e médio e alto de 1,02. No Brasil, RORATO et al. (1996), verificando o desempenho de filhas de um mesmo touro em diferentes níveis, relataram valores de correlações da ordem de 0,33 (entre os níveis baixo e médio), 0,69 (entre os níveis baixo e alto) e 0,98 (entre os níveis médio e alto). TORRES (1998), estudando as correlações genéticas na avaliação de heterogeneidade de variância para raça Holandesa, relatou correlações de 0,97 (entre os níveis baixo e médio), 0,90 (entre os níveis baixo e alto) e 0,93 (entre os níveis médio e alto), para produção total de leite na primeira lactação ajustada para a idade adulta. Para produção total de leite na primeira lactação, ajustado para idade adulta e 305 dias de lactação, os valores de correlação variaram, para as mesmas classes pareadas, em 0,96, 0,90 e 0,99.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual e fenotípica, bem como das herdabilidades e correlações genéticas obtidas em análises para características múltiplas, para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, estão apresentadas no Quadro 20. A Figura 10 ilustra as alterações nos componentes de variância genética aditiva e residual, em relação aos diferentes níveis de variabilidade quando das análises múltiplas para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano.

Quadro 20 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), das herdabilidades e correlações genéticas (r_a) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características múltiplas

Baixa^{1/}

Média^{1/}

Baixa^{2/}

Alta^{2/}

Média^{3/}

Alta^{3/}

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio;

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto;

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

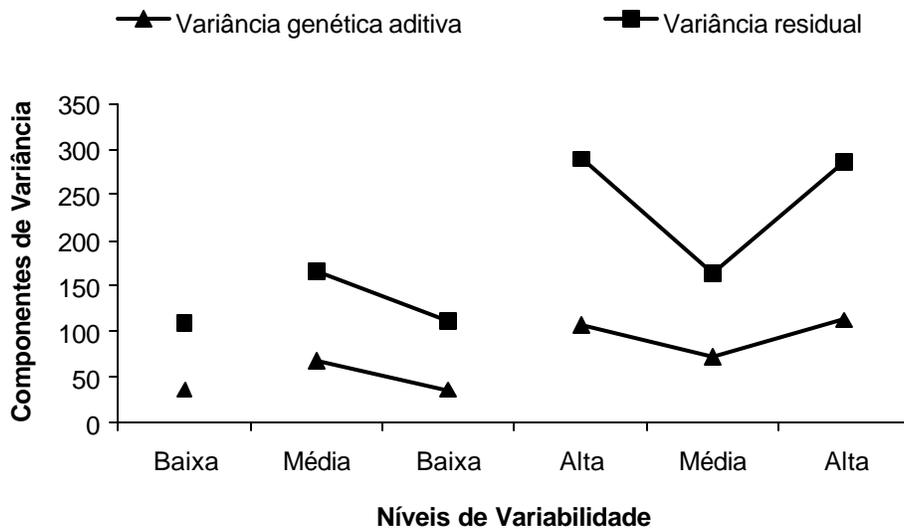


Figura 10 - Componentes de variância genética aditiva e residual obtidos em análises de características múltiplas, entre os diferentes níveis de variabilidade, para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original.

As estimativas dos componentes de variância obtidas nas análises de características múltiplas, para o nível de variabilidade baixa, apresentaram as seguintes relações entre os componentes de variância aditiva e residual, em análises com o nível médio e alto: 3,02 e 3,03. Para o nível de variabilidade média, estas relações em análises com o nível baixo e alto foram 2,43 e 2,26, respectivamente. Para o nível de variabilidade alta, as relações em análises com o nível baixo e médio foram 2,69 e 2,53, respectivamente. Observa-se que as relações entre os componentes foram melhoradas, quando comparadas com as dos componentes estimados em análises de característica única.

Os componentes de variância genética foram maiores que os obtidos em análises de característica única, e os componentes de variância residual foram menores, o que culminou em herdabilidades maiores para as análises de características múltiplas, com exceção da estimativa de herdabilidade para o nível de variabilidade alta, obtida nas análises conjuntas para os níveis baixo e alto, que permaneceu a mesma.

As estimativas das herdabilidades continuaram com o comportamento de aumento em função do incremento dos níveis de variabilidade. Este aumento pode ser verificado quando é avaliado dentro de um mesmo nível, como, por exemplo, o nível alto em análise conjunta com níveis baixo (0,27) e médio (0,31).

As estimativas de correlações genéticas entre os níveis de variabilidade baixo, médio e alto foram de mediana à alta, variando de

0,85 a 0,88. Observa-se que as correlações entre os níveis de variabilidade próximos foram mais altas, ou seja, entre os níveis baixo e médio (0,88) e entre os níveis médio e alto (0,86), provavelmente pela maior associação genética entre estes níveis. Estas correlações indicam que os reprodutores seriam classificados com pequenas alterações na ordem entre os diferentes níveis de variabilidade.

Nos Estados Unidos, BOLDMAN e FREEMAN (1990) encontraram correlações genéticas superiores entre os níveis de produção baixo e médio, baixo e alto e médio e alto (0,99, 0,90 e 1,02). No Brasil, RORATO et al. (1996), ao verificarem as produções de leite de filhas de um mesmo touro em diferentes níveis, relataram valores de correlações inferiores aos obtidos neste estudo, com variações de 0,33 (entre os níveis baixo e médio) a 0,98 (entre os níveis médio e alto). TORRES (1998), ao estudar as correlações genéticas na avaliação de heterogeneidade de variância para raça Holandesa, relatou estimativas de correlações superiores a 0,90 entre as diferentes classes de desvio-padrão amostral, para produção total de leite na primeira lactação ajustada para idade adulta. Para produção total de leite na primeira lactação, ajustada para idade adulta e 305 dias de lactação, os valores de correlação foram também superiores a 0,90.

4.3. Correlações entre valores genéticos para as características de desenvolvimento ponderal

Considerando que os componentes de variância para a característica peso à desmama em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral oscilaram pouco em relação à escala original, foram obtidos os valores genéticos para os 557 reprodutores, a partir das análises de característica única, com o objetivo de comparar os dados de peso à desmama em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral, com os valores genéticos em escala original. Os valores genéticos diretos e maternos foram organizados em um arquivo, para obtenção de correlações de Pearson e Spearman entre as predições das diferentes análises.

As estimativas de correlações de Pearson entre os valores genéticos diretos e maternos foram superiores a 0,991. As correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos reprodutores também foram altas (superiores a 0,990), o que indica que estes seriam ordenados de maneiras semelhantes para as variáveis transformadas em relação à escala original. Resultados de correlações altas entre valores genéticos de reprodutores foram verificados por BOLDMAN e FREEMAN (1990), em gado leiteiro, para a variável em escala original e transformadas.

Quando foram relacionados 2% dos melhores reprodutores, usando os valores genéticos diretos obtidos nas diferentes análises de característica única e comparando os indivíduos comuns aos grupos selecionados, observou-se que a porcentagem de indivíduos em comum foi de 90%, para a característica peso à desmama em escala original, quando comparada às transformadas pelas funções de padronização e divisão pelo desvio-padrão amostral. A ordem de classificação para os melhores reprodutores para peso à desmama, em escala original e transformadas, está no Quadro 21.

Quadro 21 - Ordem de classificação dos melhores reprodutores por valores genéticos diretos, para peso à desmama, em escala original e transformadas, obtida em análises de característica única

| | | | |
|-----|-----|----------------------|--------|
| 183 | 1º | 1º | 1º |
| 326 | 2º | 2º | 2º |
| 151 | 3º | 4º | 4º |
| 481 | 4º | 5º | 5º |
| 218 | 5º | 3º | 3º |
| 263 | 6º | 8º | 8º |
| 171 | 7º | 6º | 6º |
| 188 | 8º | 10º | 10º |
| 47 | 9º | -(435 ¹) | -(435) |
| 132 | 10º | 7º | 7º |

¹Entre parênteses está o número do reprodutor reclassificado quando da mudança de escala.

Foram obtidos os valores genéticos diretos e maternos para 34.010 vacas, a partir das análises de característica única, com o objetivo de observar as possíveis variações nos valores genéticos com dados transformados, em relação aos

valores genéticos para peso à desmama em escala original.

As correlações de Pearson entre os valores genéticos diretos e maternos foram altas (0,986) e as correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos valores genéticos diretos e maternos foram altas e próximas à unidade, com valores variando de 0,985 a 0,999.

Quando selecionadas 30 vacas geneticamente superiores, com base em seus valores genéticos diretos obtidos nas análises de característica única, e comparando os indivíduos comuns nos grupos, observou-se que a porcentagem de indivíduos em comum foi de 60% para a característica peso à desmama em escala original, em relação às transformadas pelas funções de padronização, divisão pelo desvio-padrão amostral.

Tomando por base os pesos à desmama em escala original e observando o enquadramento de suas respectivas progênes dentro dos níveis de baixa, média e alta variabilidade, verificou-se que as progênes das vacas foram distribuídas da seguinte forma: 28,3% em níveis considerados de variabilidade baixa; 30,4% em níveis de variabilidade média; e 41,3% em níveis de variabilidade alta. A “não-aleatoriedade” dos animais selecionados entre os diferentes níveis de variabilidade tem sido observada por outros autores, dentre eles POWELL et al. (1983), HILL et al. (1983), BOLDAMAN e FREEMAN (1990) e TORRES (1998). GARRICK et al. (1989) verificaram esta tendência como sendo o principal problema ao desconsiderar níveis de variabilidade,

apontando os níveis mais variáveis como preferências para a seleção dos superiores. Para os registros de peso à desmama transformados pelas duas funções estudadas, o enquadramento das progênes em níveis de variabilidade baixa, média e alta foi de 35,7, 25,0 e 39,3%, respectivamente. Observa-se que os enquadramentos para as variáveis transformadas pelas funções de padronização e divisão pelo desvio-padrão amostral apresentaram melhorias de distribuição, verificadas por meio de aumento na porcentagem do nível de variância baixa. Estes dados contrariam os relatos de GARRICK et al. (1989), que afirmaram que a transformação de escala tem o efeito de reduzir, mas não removeria a heterogeneidade de variância para características de crescimento em gado de corte.

Uma vez que os componentes de variância para a característica peso ao sobreano em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral apresentaram oscilações mais severas, foram obtidos os valores genéticos para 477 reprodutores, a partir das análises de características múltiplas para peso ao sobreano em escala original, com o objetivo de verificar os valores genéticos dos reprodutores obtidos nas análises que consideram a heterogeneidade de variância, comparados com os valores genéticos obtidos em análises de características únicas específicas, que desconsideram a heterogeneidade. Para as análises de características únicas específicas, foram preparados arquivos contendo somente registros de pesos ao sobreano dos níveis de variabilidades, organizados dois a dois, ou seja, baixa e média

variabilidade (específica 1), baixa e alta variabilidade (específica 2) e média e alta variabilidade (específica 3). As comparações entre os valores genéticos, bem como, as ordens de classificação dos reprodutores nos níveis de variabilidade, obtidas em análises de características múltiplas, foram confrontadas com seus respectivos valores genéticos e ordens de classificação obtidos em análises de características específicas. Os valores genéticos foram organizados em um arquivo, para obtenção de correlações de Pearson e Spearman entre as predições das diferentes análises. As estimativas de correlações de Pearson e Spearman estão apresentadas nos Quadros 22 e 23.

Quadro 22 - Correlações de Pearson entre valores genéticos de reprodutores para peso ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

*Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

Quadro 24 - Correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos valores genéticos dos reprodutores para peso ao sobreano em escala original, obtidos em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

*Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

Verifica-se que as estimativas de correlações entre os valores genéticos e entre as ordens das classificações dos reprodutores obtidos nas análises de características únicas específicas e os obtidos em análises de características múltiplas foram altas. Quando foram tomados por base 2% dos melhores valores genéticos dos reprodutores para peso ao sobreano, obtidos em análises que desconsideram a heterogeneidade de variância e os obtidos em análises que consideram a heterogeneidade de variância, e comparando os indivíduos comuns no grupo selecionado, observou-se que a porcentagem de indivíduos em comum foi: 90% (nas análises para as classes baixa e média), 90% (nas análises para as classes baixa e alta) e 100% (nas análises para as classes média e alta). As ordens de classificação para os melhores reprodutores para peso ao sobreano, obtidas em análises de característica única e em análises de características múltiplas, estão apresentadas no Quadro 24.

Quadro 24 - Ordens de classificação dos melhores reprodutores por valores genéticos para peso ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e obtidas em análises de características múltiplas

| | | | | |
|--------|--------|--------|-----|-----|
| 4° | 1° | 1° | 1° | 1° |
| 6° | 2° | 2° | 4° | 4° |
| 3° | 4° | 3° | 3° | 3° |
| 8° | 5° | 6° | 6° | 6° |
| 9° | 6° | 4° | 8° | 2° |
| 1° | 8° | -(092) | 2° | 5° |
| 5° | 10° | 5° | 7° | 7° |
| -(153) | 7° | 9° | 9° | 8° |
| 2° | -(092) | 10° | 5° | 9° |
| 10° | 3° | 8° | 10° | 10° |

*Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

^{4/} Entre parênteses está o número do reprodutor reclassificado quando das análises de características múltiplas.

Foram obtidos os valores genéticos para 25.147 vacas, a partir das análises de características múltiplas, com o objetivo de

comparar estes valores genéticos das vacas com os obtidos em análises específicas que desconsideram a heterogeneidade de variância. Os valores genéticos das vacas foram organizados em um arquivo, para obtenção de correlações de Pearson e Spearman nas predições das diferentes análises. As estimativas de correlações de Pearson e Spearman estão apresentadas nos Quadros 25 e 26.

As estimativas de correlações entre os valores genéticos das vacas, obtidas em análises que desconsideraram a heterogeneidade de variância e nas análises que consideram a existência de heterogeneidade de variância, apresentaram valores que variavam de 0,913 a 0,937.

Quadro 25 - Correlações de Pearson entre os valores genéticos das vacas para peso ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

*Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

Quadro 27 - Correlações de Spearman entre as ordens de classificação das vacas para peso ao sobreano em escala original, obtidas em análise de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

*Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

As estimativas de correlações entre os valores genéticos das vacas apresentaram valores variados. Nas análises conjuntas, quando avaliados os pares baixo e médio, baixo e alto, e médio e alto, as estimativas de correlações entre os valores genéticos foram altas, variando de 0,987 a 0,999. Entretanto, para o nível de variabilidade baixo, da análise conjunta baixa e média, e para o nível de variabilidade alto, obtidos nas análises conjuntas baixo e alto, a estimativa de correlação foi de 0,605. A mesma estimativa também foi observada no nível médio, das análises conjuntas baixo e médio, com o nível alto obtido na análise conjunta para os níveis baixo e alto.

As correlações entre as ordens de classificação dos valores genéticos das vacas apresentaram comportamentos similares nas diferentes análises. As estimativas de correlação de Spearman, entre as ordens de classificação dos valores genéticos obtidas em análise de características únicas específicas e as obtidas nas análises de características múltiplas os valores, foram próximas a 0,960.

As estimativas de correlações das ordens de classificação para as análises conjuntas avaliadas aos pares (baixa e média; baixa e alta; e média e alta) foram de 1,00, 0,990 e 0,999,

respectivamente. Entretanto, verificando as estimativas de correlações entre um mesmo nível de variabilidade, por exemplo, baixa, em relação às análises conjuntas para baixa e média, e baixa e alta, observam-se magnitudes de correlação extremamente baixas. Estes resultados indicam alterações nas ordens de classificação entre as diferentes análises conjuntas, possivelmente em função das diferenças de variabilidade dos grupos. Segundo CREWS e FRANKE (1998) e PUJOL et al. (1998), as estimativas de correlações de Spearman inferiores a 0,70 causaram grandes impactos na ordem de classificação das avaliações genéticas. Tomando por base as 25 vacas geneticamente superiores para peso ao sobreano obtido em análises que desconsideram a heterogeneidade e os obtidos nas análises que consideram a heterogeneidade, verifica-se que as porcentagens de vacas em comum foram: 60,0% e 72%, para as análises conjuntas nos níveis baixo e médio; 60 e 80%, para os níveis baixo e alto; e 80 e 92%, para os níveis médio e alto. Estes resultados confirmam os relatos de GARRICK et al. (1989), em gado de corte, e de BROTHERSTONE e HILL (1996), em gado leiteiro, que verificaram que classes com maiores variâncias contribuíram mais para as avaliações genéticas de reprodutores do que os rebanhos com menores variâncias, o que levaria a um menor progresso genético.

Os componentes de variância para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano em escala padronizada e dividida pelo desvio-padrão amostral também

apresentaram oscilações, impossibilitando a recomendação de mudança de escala como método viável para correção de heterogeneidade para esta característica e este conjunto de dados. Seguindo a estratégia adotada, foram obtidos os valores genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano de 476 reprodutores, a partir das análises de características múltiplas, com o objetivo de verificar os valores genéticos dos reprodutores obtidos nas análises que consideram a heterogeneidade de variância, em comparações com os valores genéticos obtidos em análises de características únicas específicas para cada nível de variabilidade, que desconsideram a heterogeneidade. Os valores genéticos foram organizados em um arquivo, para obtenção de correlações de Pearson e Spearman entre as predições das diferentes análises. As estimativas de correlações de Pearson e Spearman estão apresentadas nos Quadros 27 e 28.

Quadro 27 - Correlações de Pearson entre valores genéticos de reprodutores para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

*Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

Quadro 28 - Correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos valores genéticos dos reprodutores para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

*Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/}Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

As correlações entre os valores genéticos e entre as ordens das classificações dos reprodutores, obtidas nas análises de características únicas específicas e as obtidas em análises de características múltiplas, apresentaram estimativas altas, variando de 0,957 a 0,996.

Tomando por base 2% dos melhores valores genéticos dos reprodutores para ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidos em análise que desconsidera a heterogeneidade de variância e os obtidos em análises que consideram a heterogeneidade de variância, e comparando os indivíduos comuns no grupo selecionado, observou-se que a porcentagem de indivíduos em comum foi: 60 e 70% (nas análises para as classes baixa e média), 60 e 80% (nas análises para as classes baixa e alta) e 80 e 90% (nas análises para as classes média e alta).

As ordens de classificação para os melhores reprodutores para ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidas em análises de característica única e em análises de

características múltiplas, estão
apresentadas no Quadro 29.

Quadro 29 - Ordens de classificação dos melhores reprodutores por valores genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e as obtidas em análises de características múltiplas

* Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

^{4/} Entre parênteses, está o número do reprodutor reclassificado quando das análises de características múltiplas.

Foram obtidos os valores genéticos para 25.077 vacas, a partir das análises de características múltiplas, com o objetivo de comparar os valores genéticos das vacas com os obtidos em análises específicas que desconsideram a heterogeneidade de variância. Os valores genéticos das vacas foram organizados em um arquivo, para obtenção de correlações de Pearson e Spearman nas predições das diferentes análises. As estimativas de correlações de Pearson e Spearman estão apresentadas nos Quadros 30 e 31.

Quadro 30 - Correlações de Pearson entre valores genéticos das vacas para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

* Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

¹ Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

² Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto;

³ Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

Quadro 31 - Correlações de Spearman entre as ordens de classificação das vacas para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original, obtidas em análises de características únicas específicas e em análises de características múltiplas

* Análises de características únicas específicas para as respectivas comparações.

^{1/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e médio.

^{2/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade baixo e alto.

^{3/} Análises de características múltiplas para os níveis de variabilidade médio e alto.

As estimativas de correlações entre os valores genéticos das vacas, obtidas em análises específicas que desconsideram a heterogeneidade de variância para a característica ganho de peso de desmama ao sobreano e nas análises que consideram a existência de heterogeneidade de variância, apresentaram valores que variavam de 0,957 a 0,997. Nas análises conjuntas, quando avaliados os pares baixo e médio, baixo e alto,

e médio e alto, as estimativas de correlações entre os valores genéticos foram altas: 1,000, 0,966 e 0,973, respectivamente. Entretanto, para o nível de variabilidade baixa e média, da análise conjunta baixa e média, e para o nível de variabilidade alto, obtidos nas análises conjuntas baixo e alto, as estimativas de correlação foram 0,471 e 0,443, respectivamente.

As correlações entre as ordens de classificação dos valores genéticos das vacas apresentaram comportamentos similares nas diferentes análises. Para as estimativas de correlação de Spearman entre as ordens valores genéticos, obtidas em análises de características únicas específicas e as obtidas nas análises de características múltiplas, os valores variaram 0,975 a 0,996. As estimativas de correlações das ordens de classificação para as análises conjuntas avaliadas aos pares (baixa e média; baixa e alta; e média e alta) variaram de 1,000, 0,974 e 0,973, respectivamente. Entretanto, verificando as estimativas de correlações entre um mesmo nível de variabilidade, por exemplo, baixa, em relação às análises conjuntas para baixa e média, e baixa e alta, observam-se magnitudes de correlação extremamente baixas. Estes resultados indicam alterações nas ordens de classificação entre as diferentes análises conjuntas, possivelmente em função das diferenças de variabilidade dos grupos. Tomando por base 25 das vacas geneticamente superiores para ganho de peso da desmama ao sobreano, obtido em análises que desconsideram a heterogeneidade, e os obtidos nas análises que

consideram a heterogeneidade verifica-se que as porcentagens de vacas em comum foram: 56 e 64%, para as análises conjuntas nos níveis baixo e médio; 64 e 80%, para os níveis baixo e alto; e 68 e 88% para os níveis médio e alto.

4.4. Implicações na avaliação genética para características de desenvolvimento ponderal

Mesmo com pequenas alterações nas estimativas de herdabilidades para a característica peso à desmama em escalas padronizadas e dividida pelo desvio-padrão amostral, estas transformações mostraram-se de fácil aplicação e com menores custos computacionais, em relação aos necessários quando da realização de análises que consideram a heterogeneidade, utilizando características múltiplas. As dificuldades na obtenção das estimativas de (co)variância para a característica peso à desmama, considerando diferentes níveis de variabilidade, residem no fato de, ao utilizar um modelo completo em análises bi-característica, ser necessário estimar dez efeitos aleatórios genéticos diretos e maternos, três efeitos aleatórios relativos ao ambiente permanente, além dos três efeitos aleatórios associados aos erros. Neste estudo e para este conjunto de dados, a padronização e a divisão pelo desvio-padrão amostral apresentaram-se como uma alternativa para obtenção de estimativas de componentes de

variância e predição de valores genéticos para a característica peso à desmama, em análises que as variâncias dos grupos contemporâneos estejam discrepantes em grandes conjuntos de dados, em que a demanda computacional para características múltiplas é muito maior.

Utilizando os diferentes valores genéticos para característica peso ao sobreano em escala original, obtidos nas análises conjuntas entre os diferentes níveis de variabilidade e os valores genéticos obtidos em análises de características únicas específicas do nível baixo e médio, da análise específica para os níveis de variabilidade baixo e médio, assim como o nível alto da análise específica para os níveis de variabilidade média e alta, respectivamente, foram estimadas equações de regressões entre os méritos genéticos obtidos nas análises que consideram a heterogeneidade de variância ($\hat{Y}_{PS(BAIXA)}$, $\hat{Y}_{PS(MÉDIA)}$ e $\hat{Y}_{PS(ALTA)}$), em função dos méritos genéticos das análises que desconsideram a heterogeneidade de variância (X_{PS}). Para os valores genéticos dos reprodutores, as equações, os erros-padrão associados às estimativas dos coeficientes de regressão (EP) e os coeficientes de determinação (R^2) foram, para os níveis de variabilidade baixa, média e alta, respectivamente:

$$\hat{Y}_{PS(BAIXA)} = - 0,1700 + 0,8094 X_{PS(B,M)}$$

(EP = 0,005; $R^2 = 98\%$)

$$\hat{Y}_{PS(MÉDIA)} = - 0,1601 + 1,1220 X_{PS(B,M)}$$

(EP = 0,007; $R^2 = 98\%$)

$$\hat{Y}_{PS(ALTA)} = 1,1258 + 1,1797 X_{PS(M,A)}$$

(EP = 0,007; $R^2 = 98\%$)

Para os valores genéticos das vacas, as equações, os erros-padrão associados aos coeficientes de regressão (EP) e os coeficientes de determinação foram, para os níveis de variabilidade baixa, média e alta, respectivamente:

$$\hat{Y}_{PS(BAIXA)} = 0,0676 + 0,6293 X_{PS(B,M)}$$

(EP = 0,001; R² = 87%)

$$\hat{Y}_{PS(MÉDIA)} = 0,1007 + 0,8635 X_{PS(B,M)}$$

(EP = 0,002; R² = 88%)

$$\hat{Y}_{PS(ALTA)} = 0,3402 + 0,9135 X_{PS(M,A)}$$

(EP = 0,002; R² = 86%)

Os coeficientes de regressão associados aos níveis de variabilidade tenderam a aumentar com o incremento da variabilidade dos grupos contemporâneos. Para reprodutores, os coeficientes de regressão para os níveis de variabilidade média e alta foram próximos à unidade, o que indica correspondência entre os valores genéticos obtidos em análises de característica única (que desconsideram a heterogeneidade de variância) e os obtidos nas análises de características múltiplas (que consideram a heterogeneidade de variância). Para as matrizes, os coeficientes dos níveis de média e alta variabilidade foram próximos à unidade. Entretanto, o coeficiente de regressão para o nível de variabilidade baixa foi menor que a unidade, demonstrando ausência de correspondência entre os valores genéticos obtidos em análise de característica única e os obtidos nas análises de características múltiplas.

No caso de a seleção ser para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, pode-se considerar o efeito da

heterogeneidade, utilizando os diferentes valores genéticos obtidos nas análises conjuntas entre os diferentes níveis de variabilidade e os valores genéticos obtidos em análises de características únicas específicas. Neste estudo, foram utilizados os valores genético obtidos nas análises de características únicas específicas do nível baixo e médio, da análise específica para os níveis de variabilidade baixo e médio e também o nível alto da análise específica para os níveis de variabilidade média e alta, respectivamente. As estimadas equações de regressões entre os méritos genéticos dos reprodutores, obtidos nas análises que consideram a heterogeneidade de variância ($\hat{Y}_{GP(BAIXA)}$, $\hat{Y}_{GP(MÉDIA)}$ e $\hat{Y}_{GP(ALTA)}$), em função dos méritos genéticos das análises que desconsideram a heterogeneidade de variância (X_{GP}), bem como os erros-padrão associados às estimativas dos coeficientes de regressão (EP) e os coeficientes de determinação (R^2), foram, para os níveis de variabilidade baixa, média e alta, respectivamente:

$$\hat{Y}_{GP(BAIXA)} = -0,1241 + 0,7555 X_{GP(B,M)}$$

(EP = 0,008; $R^2 = 95\%$)

$$\hat{Y}_{GP(MÉDIA)} = 0,0793 + 1,1270 X_{GP(B,M)}$$

(EP = 0,005; $R^2 = 99\%$)

$$\hat{Y}_{GP(ALTA)} = -0,0182 + 1,0828 X_{GP(M,A)}$$

(EP = 0,004; $R^2 = 99\%$)

Para os valores genéticos das vacas, as equações, os erros-padrão associados aos coeficientes de regressão (EP) e os coeficientes de determinação para a característica ganho de peso de desmama ao sobreano foram, para os níveis de

variabilidade baixa, média e alta, respectivamente:

$$\hat{Y}_{GP(BAIXA)} = -0,0167 + 0,7655 X_{GP(B,M)}$$

(EP = 0,001; R² = 96%)

$$\hat{Y}_{GP(MÉDIA)} = 0,0181 + 1,1260 X_{GP(B,M)}$$

(EP = 0,001; R² = 99%)

$$\hat{Y}_{GP(ALTA)} = 0,0010 + 1,0986 X_{GP(M,A)}$$

(EP = 0,001; R² = 99%)

Os coeficientes de regressão associados aos níveis de variabilidade tenderam a aumentar com o incremento da variabilidade dos grupos. Tanto para reprodutores como para vacas, os coeficientes de regressão para o nível de variabilidade alta foram próximos à unidade, indicando correspondência entre os valores genéticos obtidos em análise de característica única (que desconsideram a heterogeneidade de variância) e os obtidos nas análises de características múltiplas (que consideram a heterogeneidade de variância). Entretanto, os coeficientes de regressão para os níveis de variabilidade baixa e média foram menores que a unidade, o que indica ausência de correspondência entre os valores genéticos obtidos em análise de característica única e os obtidos nas análises de características múltiplas. Estas equações de regressão dos valores genéticos obtidos em análises de características múltiplas, em função dos valores genéticos obtidos em análise de característica única geral, possibilitariam a correção dos méritos genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, de acordo com o nível de variabilidade do grupo contemporâneo desejado.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de características de crescimento de vacas e touros da raça Nelore, criados a campo, em três rebanhos pertencentes à Agropecuária CFM Ltda., nascidos no período de 1984 a 1998.

Foram analisados 44.454, 28.493 e 28.399 registros de peso à desmama, peso ao sobreano e de ganho de peso da desmama ao sobreano, respectivamente. Todas as características de crescimento foram transformadas, utilizando as seguintes funções: logaritmo na base dez, raiz quadrada, (observação - média da subclasse do grupo contemporâneo)/desvio-padrão amostral da subclasse e observação/desvio-padrão amostral da subclasse.

As transformações por meio das funções de padronização da média e desvio-padrão amostral da subclasse do grupo contemporâneo e a divisão pelo desvio-padrão amostral da subclasse do grupo contemporâneo apresentaram resultados não-significativos ($P > 0,05$) e as transformações logarítmica e raiz quadrada, resultados significativos ($P < 0,05$), para o teste de Bartlett.

As estimativas de herdabilidade direta para peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano foram, respectivamente: 0,30, 0,44 e 0,28 (escala original); 0,33, 0,49 e 0,27 (padronização); e 0,33, 0,49 e 0,27 (divisão pelo desvio padrão amostral). As estimativas de

herdabilidade materna para peso à desmama foram, respectivamente: 0,04 (escala original), 0,05 (padronização) e 0,05 (divisão pelo desvio-padrão amostral). As estimativas de correlações genéticas entre os efeitos direto e materno para peso à desmama foram, respectivamente: 0,05 (escala original); -0,08 (padronização) e -0,08 (divisão pelo desvio-padrão amostral).

As estimativas de herdabilidade direta para peso ao sobreano em escala original e transformada pelas funções foram, respectivamente: 0,44 (escala original); 0,49 (padronização) e 0,49 (divisão pelo desvio-padrão amostral). As estimativas de herdabilidade direta para ganho de peso em escala original e transformadas pelas funções foram, respectivamente: 0,26 (escala original), 0,27 (padronização) e 0,27 (divisão pelo desvio-padrão amostral).

As variâncias das subclasses de grupo contemporâneo foram utilizadas para dividir os registros de peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso de desmama ao sobreano, em escalas originais e transformadas, em níveis de baixa, média e alta variabilidade. As médias dos registros dos pesos à desmama, ao sobreano e ganho de peso, bem como os componentes de variância genética, residual e fenotípica, aumentaram com o incremento dos níveis de variabilidade dos grupos contemporâneos. Os componentes de variância genética para as análises de características múltiplas foram maiores que os obtidos em análises de característica única, e os componentes de variância residual foram menores, resultando em estimativas de herdabilidades maiores.

As estimativas de herdabilidade direta para peso à desmama em escala original e transformadas, nos níveis de baixa, média e alta variabilidade, foram, respectivamente: 0,29, 0,29 e 0,29 (escala original); 0,28, 0,26 e 0,26 (padronização); 0,28, 0,26 e 0,26 (divisão pelo desvio-padrão amostral). As estimativas de herdabilidade materna para peso à desmama em escala original e transformada, em níveis de baixa, média e alta variabilidade, foram, respectivamente: 0,03, 0,07 e 0,07 (escala original); 0,07, 0,10 e 0,07 (padronização); e 0,07; 0,10 e 0,07 (divisão pelo desvio-padrão amostral).

As estimativas de herdabilidades para peso ao sobreano em escala original e transformada, nos níveis de baixa, média e alta variabilidade, foram,

respectivamente: 0,22, 0,35 e 0,41 (escala original); 0,21, 0,32 e 0,38 (padronização); e 0,21; 0,32 e 0,38 (divisão pelo desvio-padrão amostral).

As estimativas de herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano em escala original e transformada, nos níveis de baixa, média e alta variabilidade, foram, respectivamente: 0,22, 0,28 e 0,27 (escala original); 0,22, 0,29 e 0,27 (padronização); e 0,22, 0,29 e 0,27 (divisão pelo desvio-padrão amostral).

Nas análises de características múltiplas, as estimativas de herdabilidade direta para peso à desmama foram, respectivamente: 0,32 e 0,27, para os níveis de variabilidade baixa e média, e 0,33 e 0,36, para os níveis de variabilidade média e alta; as estimativas de herdabilidade materna foram, para os níveis de variabilidade baixa e média, 0,09 e 0,14, e para os níveis de variabilidade média e alta, 0,11 e 0,11; as estimativas de correlações genéticas entre os efeitos diretos foram, para os níveis de variabilidade baixa e média, 0,97, e para os níveis de variabilidade média e alta, 1,00; e as estimativas de correlações genéticas entre os efeitos maternos foram, para os níveis de variabilidade baixa e média, 0,97, e para os níveis de variabilidade média e alta, 0,99.

As estimativas de herdabilidades obtidas em análises de características múltiplas para a característica peso ao sobreano foram, para os níveis de variabilidade baixa e média, 0,31 e 0,39; para os níveis de variabilidade baixa e alta, 0,36 e 0,43; e para os níveis de variabilidade média e alta, 0,45 e 0,45, respectivamente; e as estimativas de correlações genéticas entre os níveis de variabilidade foram, para os níveis de variabilidade baixa e média, 0,97; para os níveis de variabilidade baixa e alta, 0,93; e para os níveis de variabilidade média e alta, 0,99, respectivamente.

As estimativas de herdabilidades obtidas em análises de características múltiplas para a característica ganho de peso foram: para os níveis de variabilidade baixa e média, 0,25 e 0,29; para os níveis de variabilidade baixa e alta, 0,25 e 0,27; e para os níveis de variabilidade média e alta, 0,31 e 0,28, respectivamente; e as estimativas de correlações genética entre os níveis de variabilidade foram: para os níveis de variabilidade baixa e média, 0,88; para os níveis de variabilidade baixa e alta, 0,85; e para os níveis de variabilidade média e alta, 0,86, respectivamente.

As correlações de Pearson entre os valores genéticos e as correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos touros e das vacas, obtidas em análises de característica única, para os registros de peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso, em escala original e transformada, foram próximas à unidade, o que indica que os animais seriam classificados de maneira similar.

As correlações de Pearson entre os valores genéticos e as correlações de Spearman entre as ordens de classificação dos reprodutores, obtidas em análises de características múltiplas, foram próximas à unidade, para os registros de peso ao sobreano e ganho de peso, o que indica que os animais seriam classificados de maneira similar entre os diferentes níveis de variabilidade.

As correlações de Pearson entre os valores genéticos e as correlações de Spearman entre as ordens de classificação das vacas, obtidas em análises de características múltiplas, foram medianas para os registros de peso ao sobreano (0,47 a 0,96) e ganho de peso (0,36 a 0,99), o que indica que os animais seriam classificados de maneira diferentes entre os níveis de variabilidade. Caso a seleção pelo desempenho das vacas seja intensa, o fato de desconsiderar a variabilidade dos grupo contemporâneos para as características de peso ao sobreano e ganho de peso poderá levar à seleção de animais dos grupos de maior variabilidade, em vez de seleção dos melhores méritos genéticos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANUALPEC. *Anuário da pecuária brasileira*. ANUALPEC 99, São Paulo, ed. Argos Comunicações, 1999. 447p.
- BARTLETT, M.S. Some examples of statistical methods of research in agriculture and applied biology. *J. R. Statist. Soc.* v.4 (Suppl.), p.137-147, 1937.
- BASCHNAGEL, M.B.; KÜNZI, J. M. Comparison of models to estimate maternal effect for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire X herd interaction as additional random effect. *Livestock Prod. Sci.*, v.60, n.2-3, p.203-208, 1999.
- BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D., VAN TASSEL, C.P.; KACHMAN, S.D. *A manual for use of MTDFREML: a set of program to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)*. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd level production in dairy cow and sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, v.73, n.2, p.503-512, 1990.
- BROTHERSTONE, S.; HILL, W.G. Heterogeneity of variance amongst herds for milk production. *Anim. Prod.*, v.42, n.3, p.297-303, 1986.
- CREWS, D.H.; FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. *J. Anim. Sci.*, v.76, n.7, 1803-1809, 1998.

- DE VEER, J.C.; VAN VLECK, L.D. Genetics parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. *J. Dairy Sci.*, v.70, n.7, p.1434-1441, 1987.
- DONG, M.G.; MAO, I.L. Heterogeneity of (co)variances and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. *J. Dairy Sci.*, v.73, n.3, p.843-851, 1990.
- EVERETT, R.W.; KEOWN, J.F. Mixed model sire evaluation with dairy cattle – Experience and genetic gain. *J. Anim. Sci.*, v.59, n.2, p.529-541, 1984.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *Am. Nat.*, v.86, n.830, p.293-298, 1952.
- FAMULA, T.R. Detection of heterogeneous variance in herd production groups. *J. Dairy Sci.*, v.65, n.3, p.715-721, 1989.
- FREITAS, A.R. Avaliação de procedimentos na estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte. *Rev. Bras. Zootec.*, v.29, n.1, p.94-102, 2000.
- GARRICK, D.J.; POLLAK, E.J.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D. Variance heterogeneity in direct and maternal weight traits by sex and percent purebred for Simmental-sire calves. *J. Anim. Sci.*, v.67, n.10, p.2515-2528, 1989.
- GARRICK, D.J.; VAN VLECK, L.D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. *J. Anim. Sci.*, v.65, n.2, p.409-421, 1987.
- GILL, J.L. *Design and analysis of experiments in the animal and medical sciences*. 3th ed.: Iowa State University Press: Ames, Iowa, USA, v.1, 1985. 410 p.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. *Biol. Rev.*, v.22, n.2, p.195-213, 1947.
- HENDERSON, C.R. *Applications of linear models in animal breeding*. University of Guelph: Guelph, Canada, 1984, 462p.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, v.31, n.2, p.423-447, 1975.

- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: *W. D. Handson and Plant Breeding*. Pub. 982. National Academy of Sciences-National Research Council. Washington, DC, p.141-163, 1963.
- HILL, W.G. On selection among groups with heterogeneous variance. *Anim. Prod.*, v.39, n.3, p.473-477, 1984.
- HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K.A. et al. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Anim. Prod.*, v.36, n.1, p.59-68, 1983.
- IBÁÑEZ, M.A.; CARABAÑO, M.J.; ALENDA, R. Identification of sources of heterogeneous residual and genetic variances in milk yield data from the Spanish Holstein-Friesian population and impact on genetic evaluation. *Livestock Prod. Sci.*, v.59, n.1, p.33-49, 1999.
- JOSAHKIAN, L.A. Programa de melhoramento genético das raças zebuínas. In: ANAIS DO SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3, 2000, Belo Horizonte. *Anais...*, Belo Horizonte, SBMA, p.76-92, 2000.
- KACHMAN, S.D.; EVERETT, R.W. A multiplicative mixed model when the variances are heterogeneous. *J. Dairy Sci.*, v.76, p.859-867, 1993.
- LOFGREN, D.L.; VINSON, W.E.; PEARSON, R.E. et al. Heritability of milk yield at different herd means and variance for production. *J. Dairy Sci.*, v.68, n.12, p.3301-3311, 1985.
- LUSH, J.L. *Animal Breeding Plans*. Iowa State College Press: Ames, 1945. 443p.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, C.S.; BERGMANN, J.A.G. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. *Arq. Bras. Med. Vet. Zoot.*, v.51, n.4, p.363-370, 1999.
- MEUWISSEN, T.H.E.; JONG, G.; ENGEL, B. Joint estimation of breeding values and heterogeneous variance of large dates files. *J. Dairy Sci.*, v.79, n.2, p.310-316, 1996.
- MEUWISSEN, T.H.E.; VAN DER WERF, J.H.J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. *Livestock Prod. Sci.*, v.33, p.31-41, 1993.

- MIRANDE, S.L.; VAN VLECK, L.D. Trends in genetic and phenotypic variances for milk production. *J. Dairy Sci.*, v.68, n.9, p.2278-2286, 1985.
- MOHIUDDIN, G. Estimates of genetic and phenotypic parameters of some performance traits in beef cattle. *Animal Breeding Abstracts*, v.61, n.8, p.495-522, 1993.
- MRODE, R.A. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. CAB INTERNATIONAL: Wallingford, Oxon, UK, 1996. 187p.
- NETER, J.; WASSERMAN, W.; KUTNER, M.H. *Applied linear statistical models: regression, analysis of variance and experimental designs*. 2nd ed., Richard D. Irwin, INC: Homewood, Illinois, USA, 1985. 1127p.
- POWELL, R.L.; NORMAN, H.D.; WEINLAND, B.T. Cow evaluation at different milk yields of herd. *J. Dairy Sci.*, v.66, n.1, p.148-154, 1983.
- PUJOL, M.R.; PIEDRAFITA, J.; QUINTANILLA, R.; REVERTER, A.; TIBAU, J. Accounting for heterogeneous variances across herds for swine production traits using a multiplicative mixed model. In: Proc. World Congress Applied to Livestock Production, 1998, Armdale. *Proceedings...*, n.648, s/p.
- RAMOS, A.A.; VALENCIA, E.F.T.; WECHSLER, F.S. Heterogeneidade de variâncias das características de produção de bovinos da raça Holandesa no trópico: I. estratificação por nível de produção de rebanhos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza, SBZ, 1996, p.71-73.
- RAO, C.R. *Linear statistical inference and its applications*. 2nd ed. John Wilwy & Sons: New York, USA, p.417-420, 1973.
- REVERTER, A.; TIER, B.; JOHNSTON, D.J.; GRASER, H.U. Assessing the efficiency of multiplicative mixed model equations to account for heterogeneous variance across herds in carcass scan traits from beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v.75, p.1477-1485, 1997.
- ROBERT-GRANIÉ, C.; BONAÏ TI, B.; BOICHARD, D.; BARBAT, A. Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Prod. Sci.*, v.60, n.2-3, p.343-357, 1999.
- ROBERTSON, A.; O'CONNOR, L.K.; EDWARDS, J. Progeny testing dairy bulls at different management levels. *Anim. Prod.*, v.2, p.141-152, 1960.

RORATO, P.N., MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S. et al. Estudo do efeito da interação genótipo-ambiente sobre a produção de leite da raça Holandesa no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza, SBZ, 1996, p.1-2.

SAS. USER'S GUIDE: *basic and statistic*. Cary: SAS, 1995. 1686p.

SEE, M.T. Heterogeneity of (co)variance among herds for backfat measures of swine. *J. Anim. Sci.*, v.76, n.10, p.2568-2574, 1998.

SULLIVAN, P.G.; SCHAEFFER, L.R. Regional heterogeneity of variance and its effect on Canadian Holstein sire evaluation. *Can.J. Anim. Sci.*, v.69, n.9, p.605-612, 1989.

THOMPSON, R. Sire evaluation. *Biometrics*, v.35, n.3, p.339-353, 1979.

TORRES, R.A. *Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil*. Belo Horizonte, MG. 124 p. Dissertação (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.

VALENCIA, E.F.T.; RAMOS, A.A.; WECHSLER, F.S. Heterogeneidade de variâncias das características de produção de bovinos da raça Holandesa no trópico: II. estratificação por nível de produção de vacas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza, SBZ, 1996, p.68-70.

VAN DER WERF, J.H.J.; MEUWISSEN, T.H.E.; JONG, G. Effects of correction for heterogeneity of variance on bias and accuracy of breeding value estimation for Dutch dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, v.77, p.3174-3184, 1994.

VERNEQUE, R.S. *Procedimentos numéricos e estimação de componentes de covariância em análise multivariada pelo método da máxima verossimilhança restrita – modelos mistos aplicados ao melhoramento animal*. Piracicaba, SP. 157 p. Dissertação (Doutorado em Estatística) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1994.

VISON, W.E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. *J. Dairy Sci.*, v.70, n.11, p.2450-2455, 1987.

VISSCHERT, P.M.; HILL, W.G. Heterogeneity of variance and dairy cattle breeding. *Anim. Prod.*, v.55, 321-329, 1992.

WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D.A. Computationally simple bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. *J. Dairy Sci.*, v.76, p.1455-1465, 1993.

WIGGANS, G.R.; VAN RADEN, P.M. Method and effect of adjustment for heterogeneous variance. *J. Dairy Sci.* v.74, n.12, p.4350-4357, 1991.

WINKELMAN, A.; SCHAEFFER, L.R. Effects of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, v.71, n.11, p.3033-3039, 1988.