

ANTONIO POLICARPO SOUZA CARNEIRO

**AVALIAÇÃO GENÉTICA NA PRESENÇA DE HETEROGENEIDADE ENTRE
REBANHOS, UTILIZANDO DADOS SIMULADOS**

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
2003

ANTONIO POLICARPO SOUZA CARNEIRO

AVALIAÇÃO GENÉTICA NA PRESENÇA DE HETEROGENEIDADE ENTRE
REBANHOS, UTILIZANDO DADOS SIMULADOS

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: 31 de março de 2003.

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Conselheiro)

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Conselheiro)

Prof^a. Carmen Silva Pereira

Prof. Martinho de Almeida e Silva

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

A meus pais, José Maria e Maria de Lourdes.

A minha irmã Maria Tereza.

A minha esposa Deyse e a meu filho Matheus.

Dedico este trabalho.

AGRADECIMENTOS

A Deus.

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Departamento de Zootecnia e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

Ao professor Martinho de Almeida e Silva, pelo exemplo de serenidade, competência, e também pela disponibilidade e sugestões sempre valiosas.

À professora Carmen Silva Pereira, pelo exemplo de doação à pesquisa científica, pelos ensinamentos e pelas sugestões e críticas que muito contribuíram para a finalização deste trabalho.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela amizade, ensinamentos, sugestões e apoio desde a iniciação científica, e pelo exemplo de dedicação ao ensino e à pesquisa.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela amizade, pelos ensinamentos, pela criação do programa de simulação Genesys, pela disponibilidade e paciência em executar várias implementações ao programa que foram fundamentais para a elaboração deste trabalho.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pela amizade, pelo apoio, pelos ensinamentos, pelas sugestões sempre coerentes, pelos incentivos e pela orientação que viabilizaram a execução deste trabalho.

Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pelos ensinamentos e atenção.

Aos colegas Claudinho e Gustavo que muito me ajudaram nas análises dos dados.

Aos meus pais, pelos exemplos de persistência, trabalho e doação, e por terem assumido o compromisso de educar com responsabilidade, sinceridade e amor, deixando aos filhos uma grande herança, a dignidade.

Aos meus irmãos, especialmente a Geraldo e Pedro que oportunamente me apoiaram e principalmente a minha irmã Maria Tereza, pelos anos de dedicação e carinho despendidos durante toda a minha vida de estudante.

Aos meus cunhados, cunhadas e ao embrião Wandinho pelos momentos agradáveis de descontração e em especial a minha sogra pela forma carinhosa com a qual eu fui recebido em sua família.

A minha esposa Deyse, pelo carinho, atenção, amizade e incentivo, sempre solidária e compreensiva frente os problemas e dificuldades enfrentados durante o curso.

Ao meu filho Matheus, pelos momentos de alegria e descontração que somente um filho poderia proporcionar.

Aos colegas e amigos de curso, Adriana, Aldrin, Amauri, Claudinho, Elivalto, Elizângela, Fabiano, Fausto, Felipe, Fernanda, Giselle, Glória (*in memória*), Gustavo, Herluce, Jaime, Júlio, Júnior, Leandro, Lindenberg, Marcelo, Marcos Vinícius, Mirella, Paulo Bonomo, Paulo Nobre, Paulo Carneiro, Rachel, Renata, Renato, Ricardinho, Rodolpho, Shiguero, Urbano, Vicente, Vicente Peloso e Willian, pela amizade, companheirismo e pelo convívio agradável.

Aos amigos Vander, Vanderlei, Marruco, Maria, Baixinho, Edicarlos, Marli, Celina, Edlaine e Ismênia, pela amizade sincera e pelos momentos de alegria.

Aos professores e funcionários do Departamento de Zootecnia e a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Antonio Policarpo Souza Carneiro, filho de José Maria Quintão Carneiro e Maria de Lourdes Souza Carneiro, nasceu em Presidente Bernardes, Minas Gerais, em 29 de julho de 1973.

De abril de 1992 a fevereiro de 1996, foi estudante do curso de Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais.

Foi bolsista de iniciação científica (CNPq) de agosto de 1994 a fevereiro de 1997 na área de genética e melhoramento dos animais domésticos, tendo como orientador o Prof. Martinho de Almeida e Silva e posteriormente o Prof. Paulo Sávio Lopes.

Em fevereiro de 1997, graduou-se em Zootecnia e, em março de 1997, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia na UFV, na área de Melhoramento Animal, submetendo-se ao exame final de defesa de tese em março de 1999.

Em abril de 1999, iniciou o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento na UFV, submetendo-se ao exame final de defesa de tese em 31 de março de 2003.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Heterogeneidade de variâncias.....	4
2.2. Conexidade genética	16
2.3. Interação genótipo-ambiente	19
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	26
3.1. Simulação dos dados	26
3.2. Simulação do genoma	27
3.3. Populações simuladas e estruturas de heterogeneidade	27
3.4. Conexidade genética dos dados	32
3.5. Análises dos dados e modelos utilizados	33
3.6. Correlações entre os valores genéticos	37
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
4.1. Heterogeneidade em conjuntos de dados reais	38
4.2. Análises de característica única	41
4.3. Análises de características múltiplas	45
4.4. Correlações entre valores genéticos preditos e verdadeiros	51
4.5. Classificação dos animais geneticamente superiores	59
5. CONCLUSÕES	71
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	73

RESUMO

CARNEIRO, Antonio Policarpo Souza, D.S. Universidade Federal de Viçosa, março de 2003. **Avaliação genética na presença de heterogeneidade entre rebanhos, utilizando dados simulados.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Conselheiros: Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides.

Os objetivos deste trabalho foram simular estruturas de dados similares às condições reais observadas em rebanhos bovinos em relação a heterogeneidade; comparar os resultados das análises que consideram ou não a presença da heterogeneidade; quantificar o real efeito da heterogeneidade sobre a avaliação genética e seleção de touros, vacas e progênes, além de verificar a relação entre heterogeneidade e conectividade genética dos dados. Foram simulados vários conjuntos de dados formados por 75 touros, 3750 vacas e 7500 progênes, distribuídos em 15 rebanhos, por intermédio do programa *Genesys* (EUCLYDES, 1996). Quatro estruturas de heterogeneidade foram simuladas: rebanhos com heterogeneidade para todos os parâmetros tanto genéticos quanto fenotípicos - RHTP; rebanhos com médias genéticas similares e demais parâmetros heterogêneos - RMGS; rebanhos com heterogeneidade fenotípica - RHF e rebanhos sem heterogeneidade - RSH. Os rebanhos foram agrupados em três níveis: alta, média e baixa variabilidade. Foram simulados quatro graus de conectividade genética entre os níveis de variabilidade: 0%, 20%, 40% e 100% de conectividade genética (CG-0, CG-20, CG-40 e CG-100). Os arquivos de dados foram utilizados em análise de

característica única que não considerava a heterogeneidade. Também, efetuou-se análise de características múltiplas, onde a produção em cada nível de variabilidade foi analisada como uma característica diferente, considerando-se, portanto, a heterogeneidade. As estimativas de variância genética e herdabilidades foram subestimadas para a estrutura de dados RHTP, mesmo nas análises de características múltiplas e para conjuntos de dados com alto grau de conectividade. Para as estruturas de dados que não apresentavam heterogeneidade para médias genéticas (RMGS, RHF e RSH), estas estimativas foram próximas dos valores simulados. Os valores genéticos preditos nas diferentes estruturas de dados foram comparados com os valores genéticos verdadeiros, através das correlações de ordem e de Pearson. Para RHTP, estas correlações foram inferiores a 50%, exceto para os valores genéticos de touros com 100% de conectividade entre os níveis de variabilidade. Para RMGS e RHF, as correlações foram altas e próximas às obtidas para dados sem heterogeneidade (RSH). Valores baixos para as correlações de Pearson indicam baixa acurácia na predição dos valores genéticos, enquanto baixas correlações de ordem indicam que a ordem de classificação dos animais com base nos valores genéticos preditos e verdadeiros é diferente. Conseqüentemente, animais com menor valor genético poderão ser classificados, incorretamente, entre os animais geneticamente superiores, prejudicando a eficiência da seleção. A heterogeneidade de média genética entre rebanhos prejudicou a acurácia da predição dos valores genéticos de touros e, principalmente de vacas e progênieas, mas a heterogeneidade para outros parâmetros, não influenciou a avaliação genética dos animais. A análise de características múltiplas não foi eficiente para eliminar os problemas da heterogeneidade sobre a avaliação genética e o grau de conectividade dos dados influenciou os resultados das análises, apenas quando os rebanhos tinham médias genéticas heterogêneas. Assim, verificou-se que o problema da heterogeneidade sobre as avaliações genéticas é devido, basicamente à presença de médias genéticas diferentes entre rebanhos.

ABSTRACT

CARNEIRO, Antonio Policarpo Souza, D.S. Universidade Federal de Viçosa, March, 2003. **Genetic evaluation with heterogeneity across herds, using simulation.** Adviser: Robledo de Almeida Torres Committee Members: Paulo Sávio Lopes and Ricardo Frederico Euclides.

The objectives of this study were to simulate data structures similar to the real conditions observed in bovine herds according to parameters heterogeneous; to compare the results of the analysis that account or not for heterogeneity; to quantify the true effect of heterogeneity on the genetic evaluation and selection of bulls, cows and progenies, and to verify the relationship between parameters heterogeneous and genetic connectness of the data. It were simulated several groups of data formed by 75 bulls, 3750 cows and 7500 progenies, distributed in 15 herds, through the program Genesys (EUCLYDES, 1996). Four parameters heterogeneous structures were simulated: herds with heterogeneity for all the parameters, genetic and phenotypic - RHTP; herds with genetic means similar and the other parameters heterogeneous - RMGS; herds with heterogeneity phenotypic - RHF and herds without heterogeneity - RSH. Herds were grouped in three levels: high, mean and low variability. It were simulated four degrees of genetic connectness between the variability levels: 0%, 20%, 40% and 100% of genetic connectness (CG-0, CG-20, CG-40 and CG-100). Data files were used in single-trait analysis that didn't account for parameters heterogeneous. Also, it was carried out a multiple-trait analysis in which the production in each variability level was

analyzed as a different trait. The estimates of genetic variance and heritability were underestimated for the data structure RHTP, even in the multiple-trait analysis and for groups of data with high connectness degree. For the structures of data that didn't present heterogeneity for genetic means (RMGS, RHF and RSH), these estimates were close to the simulate values. The estimated breeding values in the different structures of data were compared with the true breeding values, through rank correlations and Pearson correlations. For RHTP, these correlations were lower than 50%, except for the breeding values of bulls with 100% of connectness between the variability levels. For RMGS and RHF, correlations were high and close to values obtained for data without heterogeneity (RSH). Low values for Pearson correlations indicate low accuracy in the prediction of breeding values, while low rank correlations indicate that the ranking of animals based on estimated and true breeding values is different. Consequently, animals with smaller breeding value may be included, incorrectly, among the animals genetically superiors, harming the efficiency of selection. The heterogeneity of genetic mean between herds harmed the accuracy of breeding value predictions of bulls and, mainly of cows and progenies, but the heterogeneity for other parameters, didn't influence the genetic evaluation of the animals. The multiple-trait analysis was not efficient to eliminate the problems of parameters heterogeneous on genetic evaluation. The degree of connectness of the data influenced the results of the analysis, just when the herds had heterogeneous genetic means. Like this, it was verified that the problem of parameters heterogeneous about the genetic evaluations is due, basically to the presence of different genetic means between herds.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é um país com elevada dimensão territorial e grande diversidade entre suas regiões e sub-regiões quanto às condições climáticas, topográficas, culturais e tecnológicas. Assim, os rebanhos de bovinos de leite, e principalmente de corte, apresentam grande variabilidade de produção entre regiões ou mesmo dentro da mesma região. As condições ambientais de cada localidade são citadas como as principais causas desta variabilidade. Entre outros fatores, os rebanhos bovinos diferem quanto à quantidade e qualidade de alimentação fornecida, ao estado sanitário dos animais e também quanto à qualidade genética dos animais utilizados na reprodução.

Em gado de leite, a partir de 1990 tem havido aumento na polarização da produção, onde muitos produtores produzem pouco e poucos produzem muito. Segundo GOMES (1997), 50% dos produtores produzem até 50 litros/dia e respondem por 10% da produção nacional. Enquanto, apenas 10% do total de produtores produzem mais de 200 litros/dia e são responsáveis por 50% da produção nacional. Estes dados reforçam a existência da grande variabilidade quanto ao nível de produção entre os rebanhos brasileiros de bovinos de leite. A situação em bovinos de corte é ainda mais contrastante. Nesta atividade, encontram-se propriedades extremamente tecnificadas, trabalhando no sistema intensivo e abatendo animais com menos de dois anos de idade, enquanto ainda têm-se rebanhos com baixíssimos índices

produtivos.

Em avaliações genéticas de reprodutores, observa-se que as progênes da maioria dos reprodutores não estão distribuídas uniformemente em todos os rebanhos ou em todos os níveis de produção. Geralmente, as progênes de um reprodutor estão concentradas em um único rebanho ou em rebanhos que apresentam níveis de produção e tecnológico semelhantes. Quando os reprodutores são utilizados, unicamente, em monta natural, é mais comum que eles tenham suas progênes em um único rebanho e em rebanhos de menor nível tecnológico. Por outro lado, reprodutores mais famosos e utilizados em inseminação artificial têm melhor distribuição das progênes entre os rebanhos. Também, aqueles reprodutores considerados de elite, cujo preço do sêmen é mais elevado, têm suas progênes mais concentradas em rebanhos com alto nível tecnológico.

Vários estudos têm mostrado que a má distribuição das progênes nos diferentes ambientes envolvidos em uma avaliação genética agrava os problemas relativos à heterogeneidade de variâncias, conexão de dados e interação genótipo-ambiente que afetarão a acurácia das avaliações genéticas de reprodutores.

Nos últimos anos, as estratégias de melhoramento e as técnicas de produção têm apresentado grande desenvolvimento. Por outro lado, as diferenças entre os rebanhos têm aumentado consideravelmente. As diferenças no processo de seleção e no sistema de manejo podem levar a diferentes médias de produção e, também, diferentes variâncias entre rebanhos.

Uma das conseqüências da heterogeneidade de variâncias entre rebanhos, quando esta é atribuída a fatores ambientais, é a presença da covariância ambiental entre o desempenho das progênes de um mesmo reprodutor dentro do mesmo rebanho, o que caracteriza a interação reprodutor-rebanho.

Os objetivos deste trabalho foram: simular conjuntos de dados com diferentes graus de heterogeneidade de variâncias e de conectividade genética entre rebanhos similares às condições reais observadas em rebanhos de bovinos; estimar os componentes de variâncias e os parâmetros genéticos, e também prever os valores genéticos em análises que consideram e que desconsideram a presença de heterogeneidade de variâncias; quantificar o efeito da heterogeneidade de variâncias entre rebanhos na avaliação genética e seleção de touros, vacas e tourinhos; além de verificar a relação entre heterogeneidade de variâncias e conectividade genética.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Heterogeneidade de variâncias

As avaliações genéticas de bovinos freqüentemente têm de ser feitas em ambientes heterogêneos diferentes que podem diferir tanto em média quanto em variância. As diferenças entre rebanhos, na variabilidade de produção, geralmente têm sido atribuídas às diferenças nos fatores climáticos locais ou regionais e nos tipos de manejo de cada rebanho. Se as variâncias não são as mesmas entre os rebanhos com diferentes níveis tecnológicos, mas são assumidas homogêneas, os animais podem ser classificados erroneamente, visto que as vacas de rebanhos superiores e os reprodutores com a maioria de suas filhas em rebanhos com maiores variâncias tenderiam a ter seus méritos genéticos superestimados. As produções das filhas, oriundas de rebanhos mais variáveis, terão maior influência na avaliação do reprodutor, uma vez que a produção destas filhas é ponderada na proporção dos desvios-padrão dos rebanhos onde elas foram criadas (TORRES, 1998).

Quando a heterogeneidade de variância é causada por fatores ambientais, então a avaliação genética do animal pode refletir mais o ambiente do que seu potencial genético. Se a heterogeneidade é causada por fatores

genéticos, por exemplo, diferenças genéticas entre os rebanhos, este problema podem não existir.

A heterogeneidade de variância, para características de produção em gado de leite e de desempenho ponderal em gado de corte, é amplamente documentada (HILL et al., 1983; LOFGREN et al., 1985; MIRANDE e VAN VLECK, 1985; DE VEER e VAN VLECK, 1987; WINKELMAN e SCHAFFER, 1988; FAMULA 1989; BOLDMAN e FREEMAN, 1990; DONG e MAO, 1990; CREWS e FRANKE, 1998; TORRES, 1998; MARION et al., 2001; BALIEIRO et al. 2002). Na maioria dos estudos observaram-se maiores variâncias genética e ambiental, à medida que a média de produção do rebanho aumentava.

Estratificar os dados pela variância dentro de rebanho-ano foi a maneira mais efetiva de produzir estimativas heterogêneas de componentes de variância e de herdabilidade (DONG e MAO, 1990).

LEE e PARK (1994) trabalharam com dados de produção de leite, subdivididos em grupos de baixa, média e alta produção, com base nas médias de produção das classes rebanho-ano. Os autores evidenciaram presença de heterogeneidade entre os três níveis de produção e encontraram estimativas de herdabilidade para os grupos de baixa, média e alta produção de 0,19; 0,23 e 0,25; respectivamente. Altas correlações genéticas e de classificação entre subgrupos indicaram que a maior parte da heterogeneidade foi atribuída às diferenças ambientais entre os rebanhos.

Segundo vários autores, o desvio padrão fenotípico entre rebanhos tende a aumentar de acordo com o aumento no nível de produção (CARABAÑO et al., 1990; STATON et al., 1991 e TORRES, 1998). As correlações entre média de rebanho e variância fenotípica variam, geralmente, entre 0,40 e 0,50 (DONG e MAO, 1990 e SHORT et al., 1990). A herdabilidade parece aumentar, quando o nível de produção do rebanho aumenta (VAN VLECK et al., 1985), mostrando que as mudanças nas variâncias genéticas e residuais podem não ser proporcional.

A transformação logarítmica dos dados tem sido aplicada para corrigir a dependência entre média e variância (EVERETT e KEOWN, 1984).

GARRICK e VAN VLECK (1987) citaram que esta estratégia é adequada para aproximar as observações da normalidade. Porém, quando os ambientes mais variáveis têm maior herdabilidade e os dados transformados têm maior herdabilidade em ambientes menos variáveis, o uso de transformação logarítmica resultaria em redução da eficiência de seleção.

KACHMAN e EVERETT (1993) destacaram as várias estratégias utilizadas na tentativa de corrigir os dados para variâncias heterogêneas, propostas por diferentes autores. Segundo estes autores, a transformação logarítmica é um método computacionalmente simples e adequado para correção dos dados quando a variância é uma simples função da média de produção, o que nem sempre ocorre. A ponderação das observações pelo desvio padrão residual ou fenotípico também tem sido aplicada. Este método é apropriado quando as variâncias residuais e individuais são proporcionais entre os ambientes. Contudo, as estimativas de desvio padrão fenotípico para cada ambiente podem apresentar baixa acurácia.

GIANOLA (1986) sugeriu a adoção de análises de características múltiplas, em que as produções em rebanhos com variâncias diferentes seriam consideradas características distintas, sendo obtidas estimativas de componentes de variância e covariância para cada ambiente. No entanto, a obtenção destas estimativas separadas para cada ambiente com acurácia suficiente pode ser muito difícil ou impossível. O uso de procedimentos Bayesianos pode melhorar a acurácia destas estimativas, porém o custo computacional para obter tais estimativas é muito alto (KACHMAN e EVERETT, 1993).

KACHMAN e EVERETT (1993) propuseram a utilização de um modelo misto multiplicativo para ajustamento dos dados para variâncias heterogêneas. Neste método tanto os fatores fixos como os aleatórios são ponderados por um fator multiplicativo que é específico para cada ambiente. Os fatores multiplicativos de correção entram no modelo misto como efeitos aleatórios e são preditos semelhantemente a outros fatores das equações de modelos mistos. Este procedimento não exige que a variância seja uma função da

média de produção como no caso da transformação logarítmica, usa o parentesco entre animais de diferentes ambientes para estimar os fatores multiplicativos de correção e apresenta menor custo computacional que os métodos que exigem a obtenção de componentes de variância separadamente para cada ambiente. No entanto, semelhantemente a outros procedimentos de correção para efeito escala, o uso do modelo multiplicativo é adequado quando a herdabilidade e outras razões entre variâncias, como a repetibilidade são constantes, entre os ambientes. Para grandes conjuntos de dados, os autores concluíram que o grande obstáculo à utilização do modelo multiplicativo seria obter e armazenar as contribuições de cada ambiente para estimar os fatores multiplicativos de correção, isto considerando os recursos computacionais disponíveis naquela época.

A magnitude dos efeitos da heterogeneidade de variância depende da intensidade de seleção. BOLDMAN e FREEMAN (1990) encontraram maiores alterações na classificação de 1% das melhores vacas em relação aos 5% dos melhores reprodutores quando os dados foram ajustados para heterogeneidade de variância.

Vários estudos não têm encontrado grandes alterações na classificação dos animais em razão da heterogeneidade de variâncias. A correlação média entre os valores genéticos estimados em diferentes ambientes tem sido, geralmente, igual ou superior a 0,90 (BOLDMAN e FREEMAN, 1990 e CANAVESI et al., 1993). MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993) encontraram que após corrigir os dados para efeito de rebanho-ano, o ganho genético não reduziu em razão da heterogeneidade de variância.

CANAVESI et al. (1995b) encontraram correlação positiva de 0,32 entre variâncias fenotípicas e níveis de produção para as diferentes subclasses de rebanho-ano-estação, apesar desta correlação não ter sido criada na simulação dos dados. Quando foram consideradas apenas as subclasses com no mínimo 20 observações, a correlação entre variância e nível de produção tendeu para zero. Estes resultados sugerem que as correlações positivas encontradas neste estudo podem ser atribuídas às estimativas inadequadas

dos componentes de variância, em razão do reduzido número de observações dentro de cada subclasse.

Vários autores relataram que quando a heterogeneidade de variância não é devidamente estudada, pode ocorrer predição viesada do valor genético, redução do progresso genético e seleção desproporcional de animais oriundos de ambientes com variâncias diferentes (RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995a e 1995b; MEUWISSEN et al., 1996).

TORRES (1998) avaliou o efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de vacas e touros da raça Holandesa no Brasil. Os rebanhos foram divididos em três classes de desvio-padrão fenotípico. As médias de produção e os componentes de variância aumentaram com o aumento do desvio-padrão médio da classe, sendo que as herdabilidades não tiveram o mesmo comportamento. As correlações entre os valores genéticos obtidos nas análises de características múltiplas para as classes de baixo, médio e alto desvio-padrão e os obtidos na análise geral, foram próximos da unidade, indicando que os reprodutores seriam classificados similarmente nas três classes de desvio-padrão. É importante considerar a variabilidade dentro dos níveis de produção, pois, sob seleção, as classes mais variáveis contribuiriam com a maior parte dos animais selecionados (65,2% a 68,8% das vacas selecionadas), e a avaliação genética do animal poderia ser mais em função do seu ambiente que do seu potencial genético. O autor sugere que para contornar os problemas da heterogeneidade de variâncias, os produtores com rebanhos de menor produção deveriam identificar e reduzir as restrições ambientais e melhorar suas práticas de manejo para permitir a maior expressão do potencial genético dos animais.

ARAÚJO (2000), assim como TORRES (1998), também estratificou os dados de produção de leite em classes de desvio-padrão fenotípico. A média dos valores genéticos, as proporções da variância fenotípica total da produção de leite, atribuída à variância da interação reprodutor-rebanho e as estimativas de herdabilidade aumentaram da classe de baixo para alto desvio-padrão. As correlações genéticas entre produção de leite, nas diferentes classes de

desvio-padrão fenotípicos, foram todas próximas da unidade. Como as estimativas de herdabilidade foram maiores na classe de alto desvio-padrão fenotípico, o autor concluiu que grande parte da heterogeneidade de variância entre os rebanhos foi atribuída a fatores genéticos, o que explica a baixa efetividade da inclusão da interação reprodutor-rebanho para controle da heterogeneidade.

VAN VLECK et al. (2000) estimaram parâmetros genéticos relativos a peso ao nascer e peso a desmama, com base em dados de duas gerações diferentes. Os conjuntos de dados eram formados por progênes F1 de vacas das raças Angus e Hereford e progênes destas novilhas F1. Os autores concluíram que a heterogeneidade de variância entre gerações e o método de padronização das variâncias parecem influenciar as estimativas de herdabilidade direta e materna e de correlação genética direta-materna.

A composição genética dos rebanhos também é um dos fatores responsáveis pela heterogeneidade entre rebanhos. Variâncias heterogêneas para grupos genéticos têm sido encontradas em gado de corte. RODRIGUEZ-ALMEIDA et al. (1995a e 1995b) verificaram variâncias heterogêneas para pesos aos 220 e 365 dias, entre diferentes grupos genéticos formados pelo cruzamento de touros de 22 raças com vacas Aberdeen Angus e Hereford. Também NUÑEZ-DOMINGUES et al. (1995) encontraram resultados semelhantes para características de crescimento e de carcaça para cruzamentos entre 12 raças de touros com vacas Aberdeen angus e Hereford. CREWS e FRANKE (1998) observaram variâncias heterogêneas para animais com diferentes composições raciais do Brahman, em características de carcaça. Resultados semelhantes foram obtidos por OLIVEIRA et al. (2001) para pesos aos 365 e 550 dias, para três grupos genéticos formadores da raça Canchim (animais $\frac{1}{2}$ Charolês-Zebu, $\frac{3}{4}$ Zebu-Charolês e $\frac{5}{8}$ Charolês-Zebu).

Vários trabalhos têm demonstrado a alteração na ordem de classificação dos animais quando se considera ou não a heterogeneidade de variância entre grupos genéticos nos modelos para predição dos valores genéticos. Segundo CREWS e FRANKE (1998), valores de correlações de

ordem menores que 0,70; podem resultar em alterações nas classificações dos animais. Estes autores encontraram correlações de ordem que variaram de 0,82 a 0,99; para classificações que consideravam ou não variâncias específicas para cada grupo genético. No trabalho de OLIVEIRA et al. (2001), estes valores de correlações de ordem variaram de 0,86 a 0,95; sendo que maiores valores foram obtidos para a característica peso aos 365 dias em relação a peso aos 550 dias. Os valores de correlação de ordem encontrados por NUÑEZ-DOMINGUES et al. (1995) também indicaram alteração na classificação dos animais.

OLIVEIRA et al. (2001) concluíram, através do teste da razão de verossimilhança, que o modelo tricaracter foi mais adequado quando comparado ao modelo unicaracter que ignora a presença de variâncias heterogêneas entre grupos genéticos. No modelo tricaracter, o peso dos animais de cada um dos três grupos genéticos é considerado como característica diferente. As estimativas de componentes de variância e de herdabilidade obtidas pelos modelos uni e tricaracter não foram as mesmas. As estimativas de herdabilidade obtidas entre os três grupos genéticos considerados variaram de 0,32 a 0,49 e de 0,14 a 0,46 para pesos aos 365 e 550 dias, respectivamente. Considerando as estimativas de variâncias obtidas para cada grupo genético pelo modelo tricaracter, as maiores diferenças entre os valores encontrados foram de aproximadamente 440%, 114% e 108% para variâncias genética, residual e fenotípica, respectivamente. Para peso aos 365 dias, os grupos genéticos com maior variância fenotípica também apresentaram maiores variâncias genética e residual, e menores estimativas de herdabilidade, mostrando que as mudanças de variâncias fenotípica, genética e residual não foram proporcionais. Para peso aos 550 dias, as variâncias apresentaram o mesmo comportamento, porém com maiores diferenças entre as estimativas. Para peso aos 550 dias as estimativas de herdabilidade para cada grupo genético não seguiram nenhum padrão.

BALIEIRO et al. (2002a e 2002b) estudaram diferentes tipos de transformação de dados, visando estabilizar a heterogeneidade de variâncias.

Foi avaliado o impacto da utilização do modelo multicaracter para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para peso à desmama referentes a animais da raça Nelore pertencentes a três rebanhos dos estados de Mato Grosso do Sul e Minas Gerais. Os registros foram agrupados de acordo com o nível de variabilidade das subclasses de grupos contemporâneos. Os autores encontraram heterogeneidade de variâncias dentro das subclasses de grupos contemporâneos tanto para os dados em escala original, quanto para os dados transformados pelas funções logarítmicas e raiz quadrada, indicando que tais transformações não foram eficientes em estabilizar a heterogeneidade de variâncias. A utilização de dados padronizados e a divisão pelo desvio-padrão amostral, eliminou a heterogeneidade entre as subclasses consideradas (efeito não significativo pelo teste Bartlett), porém a estimativa de herdabilidade com dados transformados, desconsiderando a heterogeneidade, diferiu muito das estimativas obtidas para os três níveis de variabilidade em análise unicaracter, estas estimativas variaram de 0,26 a 0,33. Tanto na análise unicaracter quanto na multicaracter foram estimadas maiores variâncias genética e residual para os níveis com maior variabilidade (diferenças de 20% a 50% entre os níveis). No entanto, as estimativas de herdabilidade foram homogêneas na análise unicaracter e variaram bastante no segundo tipo de análise, sendo obtidas estimativas de herdabilidade bem maiores. Os autores concluem que a análise multicaracter, considerando níveis de variabilidade, acarreta grande demanda computacional, já as transformações pela padronização e divisão pelo desvio padrão amostral são de fácil aplicação e envolvem menores custos computacionais.

Neste mesmo estudo, o autor também observou aumento da média fenotípica, das variâncias genética e residual, e conseqüentemente, da variância fenotípica do nível de baixa para alta variabilidade para as características peso à desmama e ao sobreano e para ganho de peso entre estes períodos. As estimativas de herdabilidade dentro de cada nível de variabilidade não apresentaram um comportamento padrão. Na maioria dos

casos, estas estimativas foram maiores para os níveis com maior variabilidade. Em algumas situações, as estimativas foram constantes ou variaram pouco. Para ganho de peso em análise multicausal a herdabilidade no nível de alta variabilidade foi menor que no nível de média variabilidade (BALIEIRO, 2001). Vale ressaltar que para as três características estudadas, embora não tenha sido possível evidenciar um comportamento bem definido das estimativas de herdabilidade em relação à variabilidade das classes de grupos contemporâneos, a utilização de análises unicausal ou multicausal obteve estimativas de herdabilidades que diferiram das obtidas pela análise simples que desconsiderava a heterogeneidade de variância entre os grupos.

WEIGEL et al. (2001) estimaram parâmetros genéticos e valores genéticos de reprodutores utilizados em vários países. Nesta avaliação genética internacional, utilizou-se o modelo para características múltiplas onde a medida de lactações efetuadas em cada país é considerada como uma característica diferente.

Os autores encontraram correlações genéticas entre os países onde predomina a produção sob pastejo rotacionado (Austrália, Nova Zelândia e Irlanda) superiores a 0,91. Resultado semelhante foi encontrado para as correlações genéticas entre países com alta produção de leite e manejo mais intensivo dos rebanhos (Estados Unidos, Canadá, Holanda, Itália e Bélgica). Já as correlações genéticas entre países dos dois grupos de sistemas de produção (produção a pasto e sistema de manejo intensivo) variaram de 0,80 a 0,90. Valores mais baixos de correlação genética (0,77 a 0,81) foram estimados entre aqueles países que apresentavam reduzido número de touros em comum, como foi o caso de Estônia, Finlândia e Israel. Estas baixas estimativas podem refletir as diferenças nos sistemas de produção destes países, ou simplesmente uma carência de informação em razão da pequena ligação genética entre os países criada pelo uso de touros em comum.

Depois de estimados os valores genéticos em análise de característica múltipla e considerando a seleção de 1% e 0,25% dos melhores touros, WEIGEL et al. (2001) encontraram baixa percentagem de touros selecionados

em comum entre alguns pares de países, tais como Alemanha e Estônia, Alemanha e Israel, Austrália e Itália, Suíça e Estônia, e Suíça e Itália. A percentagem de touros selecionados em comum variou de 0,42 a 0,78 e de 0,39 a 0,78 para seleção de 1% e de 0,25% dos melhores touros, respectivamente. Os valores de percentagens de touros selecionados em comum são maiores entre países com sistema de produção semelhante, atingido valores superiores a 0,50. Já entre países com sistema de produção diferentes estas percentagens variaram de 0,39 a 0,65.

Segundo WEIGEL et al. (2001), algumas questões devem ser resolvidas para que uma avaliação genética internacional de animais seja viável. Em primeiro lugar, o número de touros comuns entre alguns países é muito reduzido levando a estimativas de correlações pouco precisas, portanto é preciso aumentar as ligações genéticas entre os vários países participantes das avaliações. Em segundo lugar, a inclusão de pequenos países ou de países com poucas informações contribui para elevar o custo computacional das avaliações uma vez que cada país incluído representa uma nova característica e um conjunto de parâmetros a serem estimados. Uma alternativa citada pelos autores é o agrupamento dos países de acordo com o sistema de produção predominante.

WEIGEL e REKAYA (2000) propuseram agrupar os rebanhos de diferentes países com base em variáveis descritivas que forneciam informações relativas a clima, manejo e composição genética de cada rebanho. Por intermédio da análise de agrupamento, utilizando treze variáveis descritivas, os autores agruparam os rebanhos de treze países diferentes em cinco grupos, onde cada grupo corresponde a uma variável. Nesta metodologia, os rebanhos são agrupados independente das fronteiras dos países, uma vez que rebanhos localizados em países pequenos e vizinhos são muito mais semelhantes que rebanhos localizados em um mesmo país, mas que estão distante um do outro, localizados em regiões muito diferentes.

MARION et al. (2001) encontraram relações positivas e crescentes entre os componentes de variância genética, residual e fenotípica, com o nível

de produção e com a classe de desvio-padrão. No entanto, as herdabilidades não apresentaram a mesma tendência tendo as estimativas mais altas ocorrido no nível baixo de produção e na classe de desvio-padrão médio. A heterogeneidade nos coeficientes de herdabilidade nos diferentes níveis de produção e classes de desvio-padrão revela que as respostas esperadas pela seleção também serão diferentes, o que deve ser considerado nos programas de melhoramento.

DE MATTOS et al. (2000b) encontraram que a média e a variância fenotípica do peso ao desmame de animais da raça Hereford foram diferentes entre países. Canadá e Estados Unidos apresentaram maiores estimativas de média e variância fenotípica para peso ao desmame que o Uruguai. Relação similar entre variância fenotípica e média, também foi relatada por MEYER (1995) para populações de Angus na Austrália e Nova Zelândia. Apesar da diferença de média e variância fenotípica entre os países, os parâmetros genéticos entre Estados Unidos, Canadá e Uruguai foram similares (DE MATTOS et al., 2000b).

Segundo DE MATTOS et al. (2000a), para determinar se os parâmetros genéticos para peso ao desmame em gado de corte, entre países, são homogêneos, deve-se utilizar o modelo animal e grandes conjuntos de dados com informação completa de pedigree. Na literatura, constam vários estudos sobre homogeneidade de parâmetros genéticos entre países que utilizaram o modelo reprodutor ou modelo avô materno. No entanto, estes modelos não consideram a ênfase da seleção diferenciada entre machos e fêmeas, bem como o acasalamento preferencial.

FREITAS (2000) estimou variâncias, covariâncias e herdabilidades para as características peso ao nascimento, à desmama, aos 12, 18 e 24 meses de idade e circunferência escrotal aos 12 meses para dados de animais da raça Canchim. O autor concluiu que houve heterogeneidade de variâncias para os efeitos fixos de sexo, ano e época de nascimento, idade da vaca ao parto, geração do animal e efeito aleatório de touro, o que inviabiliza o uso de métodos tradicionais de análise de variância para estimar parâmetros

genéticos. Também o método de estimação, o tipo de análise: unicaracterística ou multicaracterística, as amostras e tipos de transformações de dados, nesta ordem, foram os fatores que mais afetaram as estimativas de herdabilidade.

Vários trabalhos têm discutido os enormes problemas decorrentes da heterogeneidade de variâncias sobre as propriedades dos testes t e F da ANOVA (BROWNIE et al., 1990).

Como relatado em vários trabalhos, a hipótese de homogeneidade de variâncias assumida na maioria dos modelos utilizados nas análises de dados, na maioria das vezes, não é atendida. Segundo GIANOLA et al. (1990), assumir esta hipótese na estrutura de dispersão dos dados, quando esta não é atendida, leva a prejuízos na resposta a seleção.

Geralmente, a presença de variâncias heterogêneas implica também em covariâncias heterogêneas. Desta forma, em análises de características múltiplas, o impacto da heterogeneidade de variâncias sobre o progresso genético é mais importante que em análises de característica única (WEIGEL e GIANOLA, 1992).

MARTINS (2002) destacou as principais informações bibliográficas a respeito da avaliação genética e heterogeneidade de variância. O autor cita três situações de ocorrência de heterogeneidade com seus respectivos efeitos: alteração apenas na variância residual; apenas na variância genética e alteração nestes dois componentes de variância. Qualquer que seja a situação, os animais serão avaliados de forma incorreta em razão da ponderação dos dados por herdabilidades que não correspondem aos valores reais de cada classe de variabilidade.

Segundo o autor, poucos são os trabalhos que buscam explicar as razões pelas quais a heterogeneidade ocorre. Foram citadas como causas da heterogeneidade: diferenças de padronização de manejo ou diferenças na precisão de coleta de dados; diferenças na composição genética da população, causada por seleção, pela composição racial, por diferenças na intensidade de seleção ou pela interação genótipo-ambiente.

Geralmente, duas linhas básicas de abordagem sobre avaliação genética na presença de heterogeneidade de variâncias têm sido seguidas. Uma propõe o uso de transformações dos dados ou fatores de ajustamento que visam eliminar a heterogeneidade e outra o uso de modelos que consideram a heterogeneidade. De acordo com MARTINS (2002), os métodos que visam eliminar a heterogeneidade são efetivos apenas nas situações em que as classes de heterogeneidade de variância residual sejam idênticas às de variância genética e com o mesmo comportamento e, ainda, que as correlações genéticas entre as classes sejam iguais à unidade, o que não acontece quando a causa da heterogeneidade é a interação genótipo-ambiente. A consideração da heterogeneidade de variância na avaliação genética tem sido feita pelo uso de modelos multicaracter, buscando ponderar adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e considerando a estrutura de covariâncias entre estas classes. Neste caso, também é necessário que as classes de heterogeneidade de variância residual sejam idênticas às de variância genética e que o número de observações por classe e a conexão genética entre elas seja suficiente para garantir a precisão das estimativas de correlação genética, garantindo a confiabilidade das predições dos valores genéticos. Na presença de interação genótipo-ambiente, o uso de modelos multicaracter permite identificar os genótipos superiores para cada ambiente, uma vez que, são preditos valores genéticos dos indivíduos para cada uma das classes de heterogeneidade.

2.2. Conexidade genética

Se a avaliação genética é feita entre animais criados em diferentes rebanhos ou com base na informação de parentes criados em diferentes rebanhos, então a acurácia desta avaliação genética pode ser influenciada pelo grau de conexidade dos dados. A conexidade genética entre dois

rebanhos é estabelecida pelo parentesco entre os animais pertencentes a estes rebanhos, conexão direta, ou pela utilização de material genético desses rebanhos em outros, conexão indireta. Se existe pouca ou nenhuma troca de material genético entre os rebanhos ou grupos contemporâneos, as comparações dos valores genéticos preditos dos animais de diferentes rebanhos não podem ser feitas com precisão.

A conexão de dados na avaliação genética faz parte de um problema mais geral de ajustamento para efeito de rebanho, rebanho-ano-estação, etc. e de estimação de médias genéticas das populações, ou seja, de estimação dos efeitos de grupo genético (FOULLEY et al., 1987).

A baixa conexão genética é um problema da estrutura dos dados. Este problema ocorre quando as populações são isoladas ou semi-isoladas geneticamente em razão de pequena troca de material genético entre estas populações. O uso de rebanhos fechados, a pequena troca de animais entre rebanhos, a baixa intensidade do uso de inseminação artificial e o uso de matrizes de parentesco esparsas são algumas das principais causas da baixa conexão de dados.

A conexão entre os dados, juntamente com a ocorrência de seleção e da interação genótipo-ambiente, é uma das limitações ao uso das equações de modelo misto para a obtenção do BLUP dos valores genéticos dos animais (MARTINS, 1994).

O grau de conexão dos dados influencia a acurácia das avaliações genéticas que envolvem diferentes rebanhos, regiões ou países. A baixa conexão reduz a acurácia das estimativas dos efeitos fixos, afetando as comparações entre valores genéticos de animais pertencentes a diferentes níveis de efeitos fixos, uma vez que estas comparações envolvem as estimativas das diferenças entre os efeitos fixos. Enfim, o problema básico da baixa conexão dos dados é que as funções lineares de efeitos fixos não são estimáveis, ou são viesadas, e a predição de efeitos aleatórios é de baixa acurácia.

Segundo KENNEDY e TRUS (1993), na seleção de animais criados em diferentes unidades de manejo (UM), ou baseada em informações de parentes criados em diferentes UM, teste de progênie, por exemplo, a acurácia da avaliação genética e, portanto, o sucesso da seleção podem ser influenciados pela conexidade entre as UM. Os erros na seleção são extremos quando as UM são pouco conectadas ou completamente desconectadas.

CANAVESI et al. (1995a) comentaram que quando os reprodutores têm muitas progênies, as informações destas progênies, provavelmente, foram obtidas em diferentes rebanhos. Neste caso, é esperado que o viés atribuído à heterogeneidade de variância não seja significativo a menos que as progênies estejam mal distribuídas entre os diferentes níveis de produção.

CARNEIRO (1999) simulou diferentes arranjos de dados, variando o número de rebanhos em que cada reprodutor tinha progênies e obteve conjuntos de dados com: 0, 15, 30, 60, 90 e 100% de conexidade. O uso de dados com baixa conexidade, principalmente dados com 0% de conexidade, afetou a média fenotípica dos animais selecionados, a variância genética aditiva e a acurácia das avaliações genéticas. Sendo a avaliação genética mais afetada pelo grau de conexidade dos dados, nos casos de baixa herdabilidade e número reduzido de progênies por reprodutor. Apesar de ter sido observado efeito da conexidade, a herdabilidade da característica e o número de progênies por reprodutor tiveram maior influência na avaliação genética dos animais.

Segundo o autor, pode-se considerar que o valor mínimo de conexidade para a execução de uma avaliação genética seja de 15% para características de média e alta herdabilidades e de 30% para características de baixa herdabilidade. A importância da conexidade é maior nas avaliações genéticas de animais com número reduzido de informações de parentes descendentes ou colaterais e para características de baixa herdabilidade. Assim, nestes casos, deve-se tomar medidas que aumentem a conexidade dos dados, tais como aumentar a troca de material genético entre os rebanhos e/ou, analisar separadamente os conjuntos de dados desconectados.

2.3. Interação genótipo-ambiente

A interação genótipo-ambiente ocorre quando ambientes distintos exercem efeitos diferenciados sobre os genótipos. Vários procedimentos podem demonstrar a ocorrência de interação genótipo-ambiente, tais como: a mudança na classificação dos genótipos de um ambiente para outro ou mudanças no valor relativo dos genótipos (NORTHCUTT et al., 1990 e SOTO MURILO et al., 1993); a baixa correlação genética entre o mesmo material genético exposto a dois ambientes diferentes (FALCONER, 1996; MEYER, 1995 e HOURI NETO, 1996); o percentual da variância fenotípica devido ao efeito da interação (NOTTER et al., 1992) e a resposta correlacionada que seria o estudo do efeito da seleção direta em uma característica em diferentes ambientes (HOURI NETO, 1996).

A expressão fenotípica de determinado animal é consequência dos genes responsáveis pela expressão da característica, bem como da ação dos genes relacionados com a adaptação do animal às condições de meio. Desta forma, a expressão fenotípica de determinado genótipo poderia ficar comprometida em função de alterações ocorridas nas condições ambientais (PACKER, 1985). Esta resposta diferenciada de um mesmo genótipo a diferentes ambientes caracteriza a interação genótipo-ambiente.

No Brasil, frente a grande diversidade de ambientes e a difusão do emprego da inseminação artificial em alguns rebanhos, maior importância deve ser dada à influência ambiental na produção. Em bovinos de corte no Brasil, utilizam-se touros ou sêmen de touros selecionados em condições ambientais que muitas vezes não são as mesmas encontradas nos rebanhos comerciais de produção.

Quando os animais são criados em diferentes locais, a ocorrência de interações entre genótipo e ambiente é mais um fator que influenciará na precisão das avaliações genéticas, principalmente se não houver boa distribuição dos dados.

Vários fatores podem promover condições diferentes de ambientes. Em bovino de corte vários autores têm demonstrado a interação entre genótipos e ambientes contrastantes quanto a qualidade de pastagens (SOTO MURILO et al., 1993), níveis nutricionais ou regimes alimentares (NUGENT et al., 1995) e quanto a região onde estão estabelecidas as operações pecuárias (MORRIS et al., 1993).

A semelhança entre as progênes de um touro dentro de um mesmo rebanho reflete tanto a interação genótipo-ambiente como a covariância ambiental entre o desempenho deste grupo de progênes (MEYER, 1987; BANOS e SHOOK, 1990 e COSTA, 1999). MEYER (1987) considerou os conceitos de interação reprodutor-rebanho e de covariância ambiental entre as progênes de um reprodutor em um mesmo rebanho, como estatisticamente equivalentes.

TEIXEIRA et al. (1992) encontraram estimativas de correlação ambiental entre meio-irmãs paternas que variaram de - 0,89 a 0,48 e concluíram que essa correlação deveria ser considerada na avaliação genética de reprodutores.

A covariância ambiental entre as progênes de um mesmo reprodutor tem origem em fatores biológicos, de manejo e estatísticos (BERESKIN e LUSH, 1965; NORMAN, 1974 e MEYER, 1987). Falhas na remoção do efeito de rebanho, de ano-estação de parto ou de algum outro fator fixo podem resultar em modelos inadequados à avaliação genética. O tratamento preferencial dado a progênes de determinado reprodutor também é uma das causas mais comuns de correlação ambiental entre meio-irmãos paternos, o que pode provocar superestimação dos valores genéticos dos reprodutores.

Estudos utilizando o modelo reprodutor têm mostrado que a interação reprodutor-rebanho pode ser inflacionada devido à heterogeneidade de variância, principalmente quanto aos componentes de variância genética (MEYER, 1987).

Dados de produção de leite evidenciam claramente a interação genótipo-ambiente. Em rebanhos com melhores condições de manejo, os

animais que possuem maior proporção de genes da raça Holandesa apresentam maior produção de leite que animais de raças Zebuínas, porém, em condições de baixo manejo a expressão fenotípica destes genótipos é alterada (RAMALHO et al., 1990).

VAN TASSEL e BERGER (1994) simularam dados com diferentes estruturas quanto à distribuição das progênes de 20 reprodutores em 50 rebanhos e quanto ao grau de parentesco entre os reprodutores. Os autores encontraram que quando o parentesco entre os reprodutores era ignorado, as variâncias de reprodutor e da interação reprodutor-rebanho tendiam a ser subestimadas, e o viés médio das estimativas foi maior para os conjuntos de dados onde os reprodutores apresentavam maior grau de parentesco. Quando o efeito de interação reprodutor-rebanho era removido do modelo, o viés das estimativas de variância e de herdabilidade aumentavam, consideravelmente. Estes resultados indicam que a interação deve ser incluída no modelo para estimar componentes de variância, mesmo que os dados sejam moderadamente desbalanceados e o nível de interação seja pequeno.

ARAÚJO et al. (2000) encontraram que a proporção da variância fenotípica da produção de leite, atribuída à variância da interação reprodutor-rebanho oscilou de 2,2% a 4,4%. Neste estudo, não houve alteração de importância no ordenamento dos valores genéticos dos reprodutores, quando se ignorou a interação reprodutor-rebanho no modelo. O uso de modelo sem a interação gerou aumento da variância genética aditiva, resultando em menores valores para a variância do erro de predição e, conseqüentemente, pequena superestimação na acurácia dos valores genéticos preditos dos reprodutores. Esta pequena superestimação se deveu a boa distribuição das progênes dos reprodutores em vários rebanhos. Os autores concluíram que a distribuição dos reprodutores nos rebanhos, bem como o número de progênes nestes rebanhos, definirão a necessidade de incorporar ao modelo interação reprodutor-rebanho.

MORGAN et al. (1992) encontraram interação entre o tipo de cruzamento (Angus x Hereford e Friesian x Hereford) e a taxa de lotação das

pastagens. O ganho de peso diário individual na pós-desmama e a produção total de carne por hectare foram influenciados significativamente pela interação do grupo racial de novilhas com a carga animal. MEZZADRA et al. (1992) demonstraram que é mais eficiente produzir carne com animais de menor porte, em condições onde a alimentação é limitante, mostrando assim a importância da seleção de genótipos adequados a cada tipo de ambiente.

NOTTER et al. (1992), avaliando a interação de touros com rebanhos, trabalhando com a raça Aberdeen Angus encontraram interações que representavam 3,3% da variância fenotípica. Os autores concluíram que o conhecimento da interação touro-rebanho pode ser necessário ao processo de avaliação genética, porém não se justificaria desenvolver predições de valores genéticos específicos para cada rebanho. BITTENCOURT (1993), utilizando a idade ao primeiro parto de novilhas Nelore em três fazendas brasileiras, encontrou que a interação touro-fazenda foi responsável por 8,49% da variação fenotípica.

DICKERSON (1962) sugeriu que pelo menos parte do efeito de interação reprodutor-rebanho deve-se a heterogeneidade de variância entre rebanhos. O que pode ser atribuído ao uso de pequeno número de reprodutores, acasalamentos direcionados e tratamentos preferenciais em cada rebanho.

FERREIRA (1999) avaliou o efeito da interação genótipo-ambiente, em duas fazendas de regiões distintas de Minas Gerais, para características de crescimento em Nelore. Até a desmama não houve mudança na ordem de classificação dos animais entre as fazendas e as correlações genéticas entre os pesos foram altas. Na pós-desmama, a alteração da classificação dos animais entre as fazendas e a baixa correlação entre elas, indicou que a diferença de ambiente entre as fazendas propicia aos mesmos genótipos, expressões diferentes. Assim, nota-se que a magnitude do efeito da interação genótipo-ambiente dependerá da característica considerada e dos objetivos da atividade, venda de bezerros ou de animais para o abate.

Vários autores relataram a existência de efeito significativo da interação genótipo-ambiente para características de produção de leite, de forma que um fator relativo à interação deve ser incluído nos modelos de avaliação genética (BASU e CHATTARAJI, 1988; PAREKH e BAGHEL, 1991; MRODE et al., 1994 e CANAVESI et al., 1995a).

TONG et al. (1977) avaliaram a importância da interação reprodutor-ambiente para características relacionadas a produção de leite. A interação genótipo-ambiente respondeu por 4,1%; 1,1%; 0,3%; 2,6% e 5,6% da variação total da produção de leite, de gordura, de proteína, percentagem de gordura e de proteína, respectivamente. Em vários trabalhos, tem sido observado que a estimativa da variância devido a interação reprodutor-ambiente tem representado de 1% a 4% da variação total da produção de leite (COSTA, 1999).

SANDELIN et al. (2000) estimaram peso e taxa de maturidade em vacas da raça Angus, Brahman e vacas cruzadas em diferentes pastagens para avaliar a interação genótipo-forragem. Foi encontrado efeito significativo para a interação genótipo-forragem para as características consideradas. Estes resultados sugerem que em programas de cruzamento, é importante a escolha das raças, visto que peso e taxa de maturidade são pontos críticos para adequar as exigências dos animais aos recursos de produção disponíveis.

DEVILLIER et al. (2000) encontraram efeito significativo da interação entre raça do touro e sexo do bezerro para as características data Juliana de nascimento, peso ao nascer, ganho de peso médio e peso ao desmame. As diferenças entre progênies, machos e fêmeas, filhas de touros Brahman foram maiores do que as encontradas para outras raças de touros (Angus, Charolês e Hereford).

Em gado de corte, a interação genótipo-ambiente pode impedir o sucesso das avaliações genéticas entre países. Na presença de interação o ordenamento dos reprodutores pode alterar entre países ou regiões. BERTRAND et al. (1985) e NOTTER et al. (1992) encontraram interações

reprodutor-rebanho consideráveis, e BERTRAND et al. (1985 e 1987) e DE MATTOS (1996) relataram que a interação reprodutor-região dentro do país foi grande o suficiente para causar mudanças na classificação dos reprodutores entre regiões. Entretanto, TESS et al. (1979) e HERRING et al. (1995) relataram que as interações reprodutor-região e reprodutor-país foram pequenas e sem importância.

Estes resultados contraditórios foram obtidos utilizando modelo reprodutor ou modelo avô materno. Portanto, acredita-se que o modelo animal seja mais adequado para avaliar a interação genótipo-ambiente usando dados de campo. MEYER (1995) usou modelo animal e não encontrou interação genótipo-país para a raça Angus na Austrália e Nova Zelândia.

FERREIRA et al. (1999) encontraram diferenças consideráveis na predição dos valores genéticos ao utilizar modelo animal e modelo reprodutor. Os estudos de interação genótipo-ambiente são, geralmente, feitos com base na alteração do ordenamento dos animais entre ambientes diferentes. Assim, é possível que muitas das evidências de interação genótipo-ambiente relatadas em estudos anteriores não seja atribuída a fenômenos biológicos e sim ao uso de modelos inadequados.

DE MATTOS et al. (2000a e 2000b) utilizaram modelo animal e grande volume de dados de animais Hereford para investigar a importância da interação genótipo-país entre Estados Unidos, Canadá e Uruguai. As estimativas de correlação genética para efeito genético direto entre Estados Unidos-Canadá, Estados Unidos-Uruguai e Canadá-Uruguai foram 0,86; 0,90 e 0,88; respectivamente. As estimativas de correlação genética para efeito materno também foram altas. MEYER (1995) também encontrou valores altos para estimativas de correlação genética direta e materna para peso ao desmame em animais da raça Angus na Austrália e Nova Zelândia. ROBERTSON (1959) considerou que correlações genéticas de desempenho em diferentes ambientes superiores a 0,80 indicam que as interações genótipo-ambiente não têm importância biológica.

Os resultados encontrados por DE MATTOS et al. (2000a e 2000b) sugerem que os dados de peso ao desmame de animais Hereford do Canadá, Estados Unidos e Uruguai podem ser combinados em uma análise conjunta. Porém, torna-se necessário investigar a importância da heterogeneidade de parâmetros entre os países e da interação genótipo-país para outras características como peso pós desmame e características de carcaça. Além do mais, os resultados obtidos por DE MATTOS et al. (2000a e 2000b) podem ser atribuídos às fortes restrições impostas ao conjunto de dados avaliados. Foram utilizados dados de rebanhos com mais de 500 registros de peso ao desmame, com grupos contemporâneos de tamanho médio superior a nove animais e com progênie de touros utilizados entre os países, além disso, grande número dos reprodutores avaliados tinha progênie nos três países. Desta forma, estas restrições garantiram uma boa distribuição das progênie dos reprodutores entre os diferentes ambientes, reduzindo os problemas de heterogeneidade de variâncias e de interação genótipo-ambiente.

CANAVESI et al. (1995a), trabalhando com dados simulados, encontraram que quando as variâncias são heterogêneas, as acurácias das avaliações genéticas ficam reduzidas. Em todas as estruturas de variâncias simuladas, até mesmo quando foi simulado efeito de interação reprodutor-rebanho, o modelo com interação apresentou menor acurácia do que o modelo sem interação. Portanto, a inclusão da interação reprodutor-rebanho não foi eficiente para corrigir os problemas de heterogeneidade de variância.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Simulação dos dados

O processo de simulação tem sido freqüentemente utilizado por vários autores em estudos de conectividade de dados, interação genótipo-ambiente, comparações de metodologias de avaliação genética e estudos de heterogeneidade, sobretudo pela sua facilidade em gerar vários tipos de estruturas de dados, com baixo custo e alta confiabilidade.

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados utilizando-se o sistema computacional Genesys (EUCLYDES, 1996). O programa Genesys permite a criação do genoma dos animais, sendo possível definir para determinada característica, o número de locos e alelos envolvidos, número de efeitos fixos, bem como a herdabilidade, a média e a variância genética, além da média e variância dos efeitos fixos. Depois de simulado o genoma com as especificações desejadas, são gerados os animais da população-base por meio da combinação aleatória dos cromossomos e dos alelos simulados. Então, os animais da população-base são acasalados para gerar a população-inicial, que pode ser multiplicada por várias gerações sob diferentes métodos de seleção ou acasalamento ao acaso, permitindo os mais diversos tipos de estudo.

No programa Genesys, o valor fenotípico dos animais é resultado da soma dos efeitos aditivos dos genes, dos efeitos fixos considerados mais o efeito aleatório relativo ao ambiente. Durante os acasalamentos, todas as fases do processo reprodutivo são consideradas, incluindo a gametogênese, a zigotogênese e a recombinação gênica. Todas estas características do Genesys tornam os dados simulados muito próximos dos dados obtidos em populações reais.

3.2. Simulação do genoma

Neste trabalho foi simulado um genoma de 2000 centimorgans de comprimento, para uma característica de alta herdabilidade, cuja expressão era determinada por 200 locos com dois alelos por loco. As frequências iniciais dos alelos foram simuladas com base na distribuição uniforme e tiveram valor inicial médio de 0,50.

Os locos foram distribuídos ao acaso em quinze pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios. Os alelos possuíam apenas efeitos aditivos, sendo desconsiderados os desvios de dominância e as interações epistáticas. Além do efeito de sexo, foi simulado o efeito de ambiente relativo a quinze rebanhos. Os efeitos não controlados de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal.

3.3. Populações simuladas e estruturas de heterogeneidade

Foram simulados os genomas de 4500 fêmeas e de 4500 machos que formaram a população-base.

A partir da população-base, foram tomados aleatoriamente 75 machos e 3750 fêmeas, sendo acasalado um macho com 50 fêmeas, dando origem à população inicial com 16500 progênies. Estes animais estavam distribuídos em

15 rebanhos com parâmetros genéticos e fenotípicos heterogêneos ou não de acordo com a estrutura de dados desejada.

Na população inicial, cada rebanho tinha 2500 progênies. Porém, este número foi reduzido para 500 progênies por rebanho, totalizando 7500 progênies no arquivo de dados disponível para análise. Esta redução no volume de dados ocorreu em razão da filtragem nos dados com o objetivo de se obter a estrutura de heterogeneidade desejada para as variâncias genéticas.

Com o objetivo de avaliar o efeito da heterogeneidade entre rebanhos sobre a avaliação genética dos animais, foram simuladas quatro estruturas de dados que diferiam quanto ao tipo de heterogeneidade genética e fenotípica entre os rebanhos. Para cada estrutura de dados foram simuladas uma população-base e uma população-inicial com a heterogeneidade desejada entre rebanhos.

Para todos os rebanhos de um mesmo nível de variabilidade foram atribuídos os mesmos valores de média e variância de efeito fixo para garantir a heterogeneidade desejada em termos de média e variância fenotípica. As fêmeas foram distribuídas nos rebanhos de acordo com os seus valores genéticos. Assim, os rebanhos com maior média fenotípica receberam as fêmeas com maiores valores genéticos, o que gerou também as diferenças entre níveis de variabilidade em relação à média genética das progênies. A heterogeneidade entre rebanhos para variância genética foi obtida por meio da classificação dos animais pelos valores genéticos e da eliminação seqüencial e estratégica da informação de alguns animais, o que gerou uma redução no volume de dados de 2500 progênies para 500 progênies por rebanho.

Na primeira estrutura de dados simulados, os rebanhos apresentavam heterogeneidade para todos os parâmetros considerados (RHTP). Foram simulados três diferentes níveis de rebanhos em termos de variância fenotípica: rebanhos de alta, média e baixa variância, cada nível com cinco rebanhos. Os rebanhos com maiores variâncias fenotípicas também possuíam

maiores médias genéticas e fenotípicas, e maiores variâncias genéticas (Quadro 1).

Quadro 1 – Valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os 15 rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros (RHTP) reunidos em três níveis de variabilidade

Nível de variabilidade dos rebanhos						
Parâmetros	Alta Reb. de 1 a 5		Média Reb. de 6 a 10		Baixa Reb. de 11 a 15	
	MIN	MAX	MIN	MAX	MIN	MAX
μ_p	269,70	301,64	210,62	225,65	134,57	166,40
σ_p^2	585,73	687,53	326,94	357,39	194,83	213,00
μ_g	193,42	226,29	173,91	189,38	137,90	169,86
σ_g^2	173,63	219,23	72,08	79,38	39,12	46,17
h^2	0,28	0,34	0,21	0,24	0,20	0,22

μ_p - Média fenotípica, μ_g - Média genética, σ_p^2 - Variância fenotípica, σ_g^2 - Variância genética e h^2 - Herdabilidade.

Na segunda estrutura de dados (Quadro 2), os rebanhos apresentavam o mesmo padrão de heterogeneidade da primeira estrutura simulada. No entanto, as médias genéticas eram similares entre os níveis de variabilidade, ou seja, todos os rebanhos tinham animais com potencial genético semelhante (rebanhos com médias genéticas similares – RMGS).

Uma terceira estrutura de dados foi simulada, semelhante à primeira, porém neste caso a heterogeneidade entre os rebanhos ocorria apenas para os parâmetros fenotípicos (rebanhos com heterogeneidade fenotípica - RHF). Nesta estrutura, o aumento de variância fenotípica entre rebanhos era

acompanhado por aumento na média fenotípica, porém a média e variância genética entre os diferentes níveis de variabilidade eram similares (Quadro 3).

Na quarta estrutura de dados (rebanhos sem heterogeneidade - RSH), os rebanhos não apresentavam heterogeneidade para nenhum parâmetro. As médias fenotípicas e genéticas, bem como as variâncias genéticas e fenotípicas dos rebanhos eram similares. Os 15 rebanhos foram reunidos em três grupos, não havendo grande diferença entre os grupos quanto aos parâmetros genéticos e fenotípicos (Quadro 4). A divisão dos rebanhos em grupos teve como objetivo permitir as comparações desta estrutura de dados com as descritas anteriormente.

Quadro 2 – Valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os 15 rebanhos com médias genéticas similares (RMGS) reunidos em três níveis de variabilidade

Nível de variabilidade dos rebanhos						
Parâmetros	<i>Alta</i>		<i>Média</i>		<i>Baixa</i>	
	Reb. de 1 a 5		Reb. de 6 a 10		Reb. de 11 a 15	
	MIN	MAX	MIN	MAX	MIN	MAX
μ_p	261,75	268,74	227,17	237,72	189,56	196,94
σ_p^2	875,92	991,37	521,12	652,29	333,79	404,41
μ_g	184,95	190,12	181,59	192,01	185,39	192,40
σ_g^2	435,56	528,91	282,11	332,33	186,76	225,90
h^2	0,49	0,58	0,51	0,56	0,54	0,58

μ_p - Média fenotípica, μ_g - Média genética, σ_p^2 - Variância fenotípica, σ_g^2 - Variância genética e h^2 - Herdabilidade.

Quadro 3 – Valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os 15 *rebanhos com heterogeneidade fenotípica (RHF)* reunidos em três níveis de variabilidade

Nível de variabilidade dos rebanhos						
Parâmetros	<i>Alta</i>		<i>Média</i>		<i>Baixa</i>	
	Reb. de 1 a 5		Reb. de 6 a 10		Reb. de 11 a 15	
	MIN	MAX	MIN	MAX	MIN	MAX
μ_p	256,20	269,60	229,46	243,51	188,45	198,05
σ_p^2	815,10	908,42	686,23	773,40	596,63	731,49
μ_g	180,00	190,72	183,69	197,24	184,16	193,28
σ_g^2	431,39	503,87	447,32	530,84	446,69	529,00
h^2	0,51	0,55	0,61	0,69	0,72	0,81

μ_p - Média fenotípica, μ_g - Média genética, σ_p^2 - Variância fenotípica, σ_g^2 - Variância genética e h^2 - Herdabilidade.

Quadro 4 – Valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os 15 *rebanhos sem heterogeneidade (RSH)* reunidos em três grupos

Nível de variabilidade dos rebanhos						
Parâmetros	<i>Alta</i>		<i>Média</i>		<i>Baixa</i>	
	Reb. de 1 a 5		Reb. de 6 a 10		Reb. de 11 a 15	
	MIN	MAX	MIN	MAX	MIN	MAX
μ_p	223,59	230,54	216,27	229,24	221,05	225,80
σ_p^2	686,23	764,52	681,00	747,48	679,12	774,23
μ_g	187,23	193,32	179,77	193,11	184,68	188,90
σ_g^2	410,87	502,66	421,07	463,11	438,48	499,28
h^2	0,60	0,67	0,62	0,66	0,62	0,69

μ_p - Média fenotípica, μ_g - Média genética, σ_p^2 - Variância fenotípica, σ_g^2 - Variância genética e h^2 - Herdabilidade.

3.4. Conexidade genética dos dados

Foram simulados quatro conjuntos de dados em relação à conexidade ou ligação genética entre os níveis de variabilidade para verificar qual a relação entre heterogeneidade e conexidade dos dados. A conexidade genética entre os níveis de variabilidade foi criada pelos touros com progênes em mais de um nível.

No primeiro conjunto de dados, não havia conexidade genética entre os níveis de alta, média e baixa variabilidade (CG-0). Os touros utilizados em determinado nível de variabilidade não tinham progênes nos outros níveis.

Foi simulado um segundo conjunto de dados com 100% de conexidade genética (CG-100), onde todos os 75 touros tinham progênes nos três níveis de variabilidade.

Além dos conjuntos de dados com 0% e 100% de conexidade genética, foram simulados mais dois conjuntos de dados com 20% e 40% de conexidade genética (CG-20 e CG-40). Foi utilizada uma medida indireta do grau de conexidade dos dados (MATHUR et al., 1999), com base no número de progênes filhas de touros comuns. A conexidade média para cada conjunto de dados foi calculada como a média da proporção de progênes filhas de touros comuns a dois níveis de variabilidade (Quadro 5 e 6).

A combinação das quatro estruturas de dados para heterogeneidade (RHTP, RMGS, RHF e RSH) e dos quatro conjunto de dados com diferentes graus de conexidade genética (CG-0, CG-20, CG-40 e CG-100) gerou 16 arquivos de dados disponíveis para avaliação genética.

Quadro 5 – Conjunto de dados com 20% de *conexidade genética média* entre os níveis de variabilidade. Número de touros comuns (*acima da diagonal*) e percentagem de progênes de touros comuns (*abaixo da diagonal*) entre os níveis de variabilidade

Nível de variabilidade dos rebanhos - NV			
NV	Alta	Média	Baixa
Alta	–	12	14
Média	21,46	–	8
Baixa	27,04	12,26	–

Quadro 6 – Conjunto de dados com 40% de *conexidade genética média* entre os níveis de variabilidade. Número de touros comuns (*acima da diagonal*) e percentagem de progênes de touros comuns (*abaixo da diagonal*) entre os níveis de variabilidade

Nível de variabilidade dos rebanhos - NV			
NV	Alta	Média	Baixa
Alta	–	18	22
Média	27,08	–	27
Baixa	49,82	42,32	–

3.5. Análises dos dados e modelos utilizados

Os dados simulados nos 16 arquivos, com diferentes graus de *conexidade genética* e de *heterogeneidade* entre rebanhos, foram utilizados para obter as estimativas de componentes de variância e herdabilidades, e para prever os valores genéticos de touros, vacas e progênes. Cada arquivo continha 7500 progênes, distribuídas em 15 rebanhos, filhas de 75 touros e de aproximadamente, 3300 vacas.

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo programa MTDFREML (*Estimação pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita adotando-se o procedimento Livre de Derivadas*), descrito por BOLDMAN et al. (1995). Os valores genéticos dos animais foram preditos a partir das estimativas dos componentes de (co)variância, utilizando-se a Metodologia de Modelo Mistos.

Foram efetuados dois tipos de análise em cada arquivo de dados: Na primeira análise, desconsiderou-se a presença de heterogeneidade genética ou fenotípica entre os rebanhos e efetuou-se análise de característica única, utilizando-se o Modelo Animal, descrito a seguir na forma matricial:

$$y = X\mathbf{b} + Z\mathbf{g} + e$$

em que,

y = vetor das observações da característica medida nos animais;

X = matriz de incidência de efeitos fixos;

\mathbf{b} = vetor de efeitos fixos (sexo, geração e rebanho);

Z = matriz de incidência dos efeitos aleatórios;

\mathbf{g} = vetor de efeitos aleatórios (valores genéticos dos animais);

e = vetor de erros aleatórios.

Na segunda análise, considerou-se o nível de variabilidade a que cada animal pertencia. A partir dos dados originais gerou-se um novo arquivo com três características: produção no nível de alta, média e baixa variabilidade (P-ALTA, P-MÉDIA e P-BAIXA). Os animais de um determinado nível de variabilidade não tinham informação para a característica produção nos outros níveis, recebendo zero para estas observações. A mesma característica foi avaliada, em análise de características múltiplas, como se fosse uma característica distinta em cada nível de variabilidade. Assim, nesta análise, para cada animal foram preditos três valores genéticos, um valor genético para

cada nível de variabilidade. O modelo para análise de características múltiplas pode ser representado na forma matricial:

$$y = X\mathbf{b} + Z\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

em que,

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix}; X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix}; \mathbf{b} = \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \\ \mathbf{b}_3 \end{bmatrix}; Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix}; \mathbf{g} = \begin{bmatrix} \mathbf{g}_1 \\ \mathbf{g}_2 \\ \mathbf{g}_3 \end{bmatrix}; \mathbf{e} = \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{e}_3 \end{bmatrix};$$

y_i = característica no nível de variabilidade i ;

X_i = matriz de incidência de efeitos fixos no nível de variabilidade i ;

\mathbf{b}_i = vetor de efeito fixo (sexo, geração e rebanho) no nível de variabilidade i ;

Z_i = matriz de incidência dos efeitos aleatórios no nível de variabilidade i ;

\mathbf{g}_i = vetor dos valores genéticos para o nível de variabilidade i ;

\mathbf{e}_i = vetor de erros aleatórios no nível de variabilidade i ;

$i = 1, 2$ e 3 .

A estimação dos efeitos fixos e a predição dos valores genéticos para as características, conforme os modelos propostos, foi obtida pela solução das equações de modelos mistos (EMM):

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z+G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}^0 \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

ou seja,

$$\mathbf{b}^0 = [X'R^{-1}X - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z+G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X]^{-1}$$

$$[X'R^{-1}y - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z+G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}y]$$

e

$$\hat{g} = (Z'R^{-1}Z+G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}(y - X\mathbf{b}^0)$$

em que,

$$G = A \otimes G_0;$$

A = matriz dos numeradores dos coeficiente de parentesco de Wright entre os indivíduos;

G₀ = matriz de variâncias e covariâncias genéticas aditivas entre características;

$$R = I \otimes R_0;$$

I = matriz identidade;

R₀ = matriz de variâncias e covariâncias residuais entre características;

⊗ = operador produto direto (SEARLE, 1966).

3.6. Correlações entre os valores genéticos

Após a obtenção dos valores genéticos preditos nas análises de característica única (VG-UNI) e análises de características múltiplas (VG-ALTA, VG-MEDIA e VG-BAIXA), calculou-se a correlação de ordem, ou seja, correlação de ordem, entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros que são conhecidos quando se utilizam dados simulados pelo programa Genesys. Também foi calculada a correlação de Pearson entre valores genéticos preditos e verdadeiros para verificar a acurácia da avaliação genética. As correlações de ordem e de Pearson foram calculadas, separadamente, para touros, vacas e progênes.

Para verificar o efeito da heterogeneidade sobre a seleção dos animais, foram classificados os 5%, 10%, e 20% dos touros e vacas geneticamente superiores, e os 1 % e 5% melhores tourinhos, com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única (VG-UNI). Estas mesmas percentagens foram utilizadas para seleção de touros, vacas e tourinhos com base nos valores genéticos verdadeiros. Para as diferentes estruturas de dados, calculou-se a percentagem de animais comuns que seriam selecionados a partir dos valores genéticos verdadeiros e dos valores genéticos preditos. A categoria tourinhos se refere a machos jovens que ainda não tiveram progênes. Neste procedimento, não foram considerados os valores genéticos preditos nas análises de características múltiplas, uma vez que os resultados iniciais indicaram que este tipo de análise não foi mais eficiente que a análise de característica única para avaliação genética na presença de heterogeneidade.

As correlações de ordem e de Pearson entre valores genéticos preditos e verdadeiros, os parâmetros genéticos e fenotípicos para dados simulados e as percentagens de animais comuns entre grupos de classificação foram obtidos pelo pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 1990).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Heterogeneidade em conjunto de dados reais

O comportamento das médias fenotípicas, das variâncias genéticas, das variâncias fenotípicas e das herdabilidades entre os níveis de variabilidades, obtidas para os dados simulados nas diferentes estruturas (Quadros 1 a 4), está próximo da situação real observada por vários autores em rebanhos bovinos de corte e leite, como se pode verificar pelos resultados relatados por TORRES (1998), MARION et al. (2001) e BALIEIRO (2001) que são apresentados a seguir nos Quadros 7, 8, 9, 10 e 11.

Quadro 7 – Parâmetros genéticos e fenotípicos estimados a partir de dados reais para a característica *peso ao desmame* em rebanhos da raça Nelore, agrupados em níveis de variabilidade

Nível de variabilidade dos rebanhos			
Parâmetros	Alta	Média	Baixa
μ_p	190,75	185,21	177,47
σ_p^2	495,19	339,74	225,56
σ_g^2	143,19	98,97	64,42
h^2	0,29	0,29	0,29

Fonte: Balieiro (2001). μ_p - Média fenotípica, σ_p^2 - Variância fenotípica e σ_g^2 - Variância genética e h^2 - herdabilidade.

Quadro 8 – Parâmetros genéticos e fenotípicos estimados a partir de dados reais para a característica *peso ao sobreano* em rebanhos da raça Nelore, agrupados em níveis de variabilidade

Nível de variabilidade dos rebanhos			
Parâmetros	Alta	Média	Baixa
μ_p	322,20	291,80	282,05
σ_p^2	747,73	425,81	279,81
σ_g^2	305,39	149,07	61,79
h^2	0,41	0,35	0,22

Fonte: Balieiro (2001). μ_p - Média fenotípica, σ_p^2 - Variância fenotípica e σ_g^2 - Variância genética e h^2 - herdabilidade.

Quadro 9 – Parâmetros genéticos e fenotípicos estimados a partir de dados reais para a característica *ganho de peso da desmama ao sobreano* em rebanhos da raça Nelore, agrupados em níveis de variabilidade

Nível de variabilidade rebanhos			
Parâmetros	Alta	Média	Baixa
μ_p	117,99	111,55	105,37
σ_p^2	396,56	234,83	146,23
σ_g^2	107,39	65,83	32,17
h^2	0,27	0,28	0,22

Fonte: Balieiro (2001). μ_p - Média fenotípica, σ_p^2 - Variância fenotípica e σ_g^2 - Variância genética e h^2 - herdabilidade.

Quadro 10 – Parâmetros genéticos e fenotípicos estimados a partir de dados reais para a característica produção de leite (kg) em rebanhos da raça Holandesa, agrupados em níveis de variabilidade

Nível de variabilidade rebanhos			
Parâmetros	Alta	Média	Baixa
μ_p	6988	6640	5760
σ_p^2	3516722	2299603	1241056
σ_g^2	924077	653900	411565
h^2	0,26	0,28	0,25

Fonte: Torres (1998). μ_p - Média fenotípica, σ_p^2 - Variância fenotípica e σ_g^2 - Variância genética e h^2 - herdabilidade.

Quadro 11 – Parâmetros genéticos e fenotípicos estimados a partir de dados reais para a característica produção de leite (kg) em rebanhos da raça Holandesa, agrupados em níveis de variabilidade

Nível de variabilidade rebanhos			
Parâmetros	Alta	Média	Baixa
μ_p	6618	5489	4578
σ_p^2	2715904	2262016	1138489
σ_g^2	308213	273925	189641
h^2	0,17	0,16	0,23

Fonte: Marion et al. (2001). μ_p - Média fenotípica, σ_p^2 - Variância fenotípica e σ_g^2 - Variância genética e h^2 - herdabilidade.

4.2. Análises de característica única

As estimativas dos componentes de variância e herdabilidades obtidas em análises de característica única, desconsiderando-se a presença de heterogeneidade de variâncias entre os rebanhos, são apresentadas nos Quadros 12 e 13.

Para os dados com heterogeneidade em todos os parâmetros (RHTP), tanto para CG-0 como para CG-100, as estimativas de variância fenotípica estão de acordo com os valores calculados para dados simulados. Porém, as estimativas de variância genética foram subestimadas em relação aos dados simulados, principalmente para 0% de conectividade genética. Quando os dados apresentam 100% de conectividade genética (Quadro 12), as estimativas de variância genética e, conseqüentemente, das herdabilidades para RHTP, assumiram valores pouco maiores, porém, estes ainda foram menores que aqueles obtidos para dados simulados. As estimativas de variância genética e herdabilidade foram, respectivamente, 46,28 e 0,10 para CG-100 e 1,11 e 0,003 para CG-0.

Quadro 12 – Estimativas dos componentes de variância genética (σ_g^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), e de herdabilidades (h^2) obtidas em análise de característica única para diferentes estruturas de heterogeneidade e 100% de conectividade genética

Estruturas	Parâmetros estimados			
	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
RHTP	46,28 (39,12 – 219,23)	397,18	443,46 (194,83 – 687,53)	0,10 (0,20 – 0,34)
RMGS	308,34 (186,76 – 528,91)	328,24	636,58 (333,79 – 991,37)	0,48 (0,49 – 0,58)
RHF	507,86 (431,39 – 530,84)	261,85	769,71 (596,63 – 908,42)	0,66 (0,51 – 0,81)
RSH	453,42 (410,87 – 502,66)	261,89	715,31 (679,12 – 774,23)	0,63 (0,60 – 0,69)

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica e RSH – Rebanhos sem heterogeneidade. Entre parênteses: valores mínimos e máximos dos parâmetros genéticos e fenotípicos calculados para dados simulados.

Quadro 13 – Estimativas dos componentes de variância genética (σ_g^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), e de herdabilidades (h^2) obtidas em análise de característica única para diferentes estruturas de heterogeneidade e 0% de conectividade genética

Estruturas	Parâmetros estimados			
	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
RHTP	1,11 (39,12 – 219,23)	392,29	393,39 (194,83 – 687,53)	0,003 (0,20 – 0,34)
RMGS	300,21 (186,76 – 528,91)	328,41	628,61 (333,79 – 991,37)	0,48 (0,49 – 0,58)
RHF	533,77 (431,39 – 530,84)	251,83	785,61 (596,63 – 908,42)	0,68 (0,51 – 0,81)
RSH	474,66 (410,87 – 502,66)	266,34	741,00 (679,12 – 774,23)	0,64 (0,60 – 0,69)

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica e RSH – Rebanhos sem heterogeneidade. Entre parênteses: valores mínimos e máximos dos parâmetros genéticos e fenotípicos calculados para dados simulados.

As análises para os conjuntos de dados com graus intermediários de conexão genética (CG-20 e CG-40) produziram estimativas similares às apresentadas nos Quadros 12 e 13. O incremento no grau de conexão dos dados resultou em pequeno aumento nas estimativas de variância genética e de herdabilidades, para a estrutura de dados RHTP.

As estimativas de variância genética para RMGS, RHF e RSH foram, respectivamente, 308,34; 507,86 e 453,42 para CG-100 e 300,21; 533,77 e 474,66 para CG-0, enquanto as estimativas de herdabilidades foram 0,48; 0,66 e 0,63 para CG-100 e 0,48; 0,68 e 0,64 para CG-0 (Quadros 12 e 13). Nestas três estruturas de dados onde os rebanhos possuíam médias genéticas similares, as estimativas de variância genética e de herdabilidade obtidas nas análises estão próximas dos valores calculados com base nos dados simulados (Quadros 12 e 13).

Estes resultados sugerem que a heterogeneidade entre rebanhos, em relação à média genética, levou à obtenção de estimativas de componentes de variância genética e, conseqüentemente de estimativas de herdabilidades subestimadas. Enquanto, a heterogeneidade para os demais parâmetros, variância genética, média fenotípica e variância fenotípica, teve pequeno efeito sobre a acurácia das estimativas de componentes de variância obtidas em análise de característica única.

Na tentativa de eliminar os efeitos da heterogeneidade entre rebanhos sobre a estimação de componentes de variância, foi realizada análise de característica única específica para cada nível de variabilidade (Quadro 14). Neste procedimento, os dados de cada nível de variabilidade foram analisados separadamente.

As estimativas de variância genética para RHTP obtidas em análise de característica única específica para os níveis de alta, média e baixa variabilidade foram, respectivamente, 1,12; 1,96 e 0,32 para CG-0 e 138,12; 51,21 e 3,45 para CG-100, enquanto as estimativas de herdabilidades foram 0,002; 0,01 e 0,001 para CG-0 e 0,20; 0,13 e 0,02 para CG-100 (Quadro 14).

As estimativas de variância genética e de herdabilidades dentro de cada nível de variabilidade continuaram sendo subestimadas em relação aos valores calculados para os dados simulados (Quadro 14). Portanto, a análise dos dados dentro de cada nível de variabilidade não seria eficiente para eliminar os problemas da heterogeneidade sobre a estimação dos componentes de variância.

Quadro 14 – Estimativas dos componentes de variância genética (σ_g^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), e de herdabilidades (h^2) obtidas em análise de característica única específica para cada nível de variabilidade (NV) para estruturas de dados RHTP, com 0% e 100% de conectividade genética

	Parâmetros estimados			
	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
NV	<i>RHTP-CG0</i>			
ALTA	1,12 (173,63 – 219,23)	624,77	625,89 (585,73 – 687,53)	0,002 (0,28 – 0,34)
MÉDIA	1,96 (72,08 – 79,38)	344,58	346,54 (326,94 – 357,39)	0,01 (0,21 – 0,24)
BAIXA	0,32 (39,12 – 46,17)	206,66	206,98 (194,83 – 213,00)	0,001 (0,20 – 0,22)
NV	<i>RHTP-CG100</i>			
ALTA	138,12	563,12	701,24	0,20
MÉDIA	51,21	328,48	379,69	0,13
BAIXA	3,45	191,61	195,06	0,02

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros e CG – Conectividade genética. Entre parênteses: valores mínimos e máximos dos parâmetros genéticos e fenotípicos calculados a partir dos dados simulados para RHTP.

4.3. Análises de características múltiplas

Na análise de características múltiplas, considerou-se a presença de heterogeneidade de variância entre os rebanhos. Foram estimados os componentes de variâncias e as herdabilidades para três características: produção no nível de alta, média e baixa variabilidade (P-ALTA, P-MEDIA e P-BAIXA). Os resultados das análises de características múltiplas para as várias estruturas de dados simuladas estão presentes nos Quadros 15, 16 e 17.

Na análise de características múltiplas, considerando a estrutura de dados RHTP, as estimativas de variâncias fenotípicas nos diferentes níveis de variabilidade foram próximas dos valores simulados apresentados no Quadro 1. As estimativas de variâncias genéticas para produção nos níveis de alta, média e baixa variabilidade foram, respectivamente, para os diferentes graus de conectividade genética: 11,71; 56,65 e 41,74 (CG-0); 30,59; 41,71 e 36,43 (CG-20); 65,22; 15,16 e 13,96 (CG-40); 120,96; 42,91 e 2,71 (CG-100). Enquanto, os valores de variância genética para dados simulados nos níveis de alta, média e baixa variabilidade estavam entre 173,63 e 219,23; 72,08 e 79,38; e 39,12 e 46,17 para cada nível, respectivamente (Quadro 15). Portanto, entre as variâncias genéticas estimadas, apenas as estimativas obtidas para produção no nível de baixa variabilidade para CG-0 e CG-20 estão próximas dos valores simulados. As demais estimativas de variância genética foram subestimadas em relação aos valores simulados. Estes erros na estimação das variâncias genéticas levaram a estimativas de herdabilidades muito pequenas, variando de 0,01 a 0,20; quando os rebanhos apresentavam heterogeneidade para todos os parâmetros (Quadros 15, 16 e 17).

Quadro 15 – Estimativas dos componentes de variância genética (σ_g^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), e de herdabilidades (h^2) obtidas em análise de características múltiplas para as várias estruturas de heterogeneidade simuladas e 100% de conectividade genética

Parâmetros estimados				
	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
Característica	RHTP			
P-ALTA	120,96 (173,63 – 219,23)	571.51	692,47 (585,73 – 687,53)	0,17 (0,28 – 0,34)
P-MÉDIA	42,91 (72,08 – 79,38)	331.84	374,76 (326,94 – 357,39)	0,11 (0,21 – 0,24)
P-BAIXA	2,71 (39,12 – 46,17)	192.14	194,85 (194,83 – 213,00)	0,01 (0,20 – 0,22)
Característica	RMGS			
P-ALTA	471.16 (435.56 – 528.91)	448.80	919.96 (875.92 – 991.37)	0.51 (0.49 – 0.58)
P-MÉDIA	221.87 (282.11 – 332.33)	338.21	560.08 (521.12 – 652.29)	0.40 (0.51 – 0.56)
P-BAIXA	118.67 (186.76 – 225.90)	254.08	372.76 (333.79 – 404.41)	0.32 (0.54 – 0.58)
Característica	RHF			
P-ALTA	532.65 (431.39 – 503.87)	383.17	915.83 (815.10 – 908.42)	0.58 (0.51 – 0.55)
P-MÉDIA	514.12 (447.32 – 530.84)	248.16	762.28 (686.23 – 773.40)	0.67 (0.61 – 0.69)
P-BAIXA	494.55 (446.69 – 529.00)	143.90	638.44 (596.63 – 731.49)	0.77 (0.72 – 0.81)

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica e RSH – Rebanhos sem heterogeneidade. Entre parênteses: valores mínimos e máximos dos parâmetros genéticos e fenotípicos calculados a partir dos dados simulados.

Quadro 15 – Continuação ...

Característica	Parâmetros estimados			
	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
	<i>RSH</i>			
P-ALTA	438.64 (410.87 – 502.66)	272,17	710,81 (686,23 – 764,52)	0.62 (0,60 – 0,67)
P-MÉDIA	452.16 (421.07 – 463.11)	268,66	720,83 (681,00 – 747,48)	0.63 (0,62 – 0,66)
P-BAIXA	443.11 (438.48 – 499.28)	262,34	705,45 (679,12 – 774,23)	0.63 (0,62 – 0,69)

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica e RSH – Rebanhos sem heterogeneidade. Entre parênteses: valores mínimos e máximos dos parâmetros genéticos e fenotípicos calculados a partir dos dados simulados.

Nas demais estruturas de dados (RMGS, RHF e RSH), as estimativas de variância genética e fenotípica para produção nos diferentes níveis de variabilidade, obtidos pela análise de características múltiplas, foram próximas aos valores calculados para dados simulados (Quadro 15). Com exceção das estimativas de variância genética nos níveis de média e baixa variabilidade para a estrutura RMGS que foram menores que os valores simulados e, conseqüentemente, com pequenas reduções nos valores de herdabilidades nestes níveis de variabilidade.

Quadro 16 – Estimativas dos componentes de variância genética (σ_g^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), e de herdabilidades (h^2) obtidas em análise de características múltiplas para as várias estruturas de heterogeneidade simuladas e 0% de conectividade genética

Parâmetros estimados				
	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
Característica	<i>RHTP</i>			
P-ALTA	11.71	615.00	626.71	0.02
P-MÉDIA	56.65	305.79	362.45	0.16
P-BAIXA	41.74	184.04	214.85	0.14
Característica	<i>RMGS</i>			
P-ALTA	485.65	430.38	916.02	0.53
P-MÉDIA	271.25	318.80	590.05	0.46
P-BAIXA	137.20	240.29	377.49	0.36
Característica	<i>RHF</i>			
P-ALTA	515.65	395.98	911.62	0.57
P-MÉDIA	554.95	214.53	769.48	0.72
P-BAIXA	530.01	146.36	676.37	0.78
Característica	<i>RSH</i>			
P-ALTA	496.37	255.93	752.30	0.66
P-MÉDIA	469.98	274.03	744.02	0.63
P-BAIXA	451.25	277.73	728.98	0.62

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica e RSH – Rebanhos sem heterogeneidade.

Quadro 17 – Estimativas dos componentes de variância genética (σ_g^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), e de herdabilidades (h^2) obtidas em análise de características múltiplas para a estrutura RHTP e graus intermediários de conectividade (CG-20 e CG-40)

Parâmetros estimados				
	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
Característica	CG-20			
P-ALTA	30.59	573.29	603.88	0.05
P-MÉDIA	41.71	305.97	347.68	0.12
P-BAIXA	36.43	149.06	185.49	0.20
Característica	CG-40			
P-ALTA	65.22	584.43	649.65	0.10
P-MÉDIA	15.16	321.35	336.51	0.05
P-BAIXA	13.96	190.00	203.95	0.07

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros;
CG – Conectividade genética.

Comparando-se o quadro 15 com os quadros 16 e 17, observa-se que o aumento do grau de conectividade genética entre os níveis de variabilidade não resultou em estimativas mais acuradas dos componentes de variância, quando os dados apresentam heterogeneidade para todos os parâmetros (RHTP). Nas demais estruturas de dados, o grau de conectividade genética também não afetou as estimativas de componentes de variância.

Do nível de baixa para alta variabilidade, as estimativas de herdabilidades aumentaram para a estrutura RMGS e foram similares para a estrutura RSH, uma vez que nesta última estrutura de dados as estimativas de variâncias genética e fenotípica não sofreram grandes alterações entre os níveis. Para a estrutura RHF, as estimativas de herdabilidades foram maiores nos níveis com menor variabilidade fenotípica, pois nesta estrutura, as variâncias genéticas eram similares entre os níveis.

Em dados reais, também não tem sido observado um comportamento padrão para as estimativas de herdabilidade em cada nível de variabilidade obtidas em análise de características múltiplas. Para dados reais de produção de leite e características ponderais em gado de corte, alguns autores encontraram que as estimativas de herdabilidades assumiram comportamento semelhante ao apresentado neste trabalho. VAN VLECK et al. (1985), BOLDMAN e FREEMAN (1990), DONG e MAO (1990) e ARAÚJO (2000) encontraram aumentos nas estimativas de herdabilidades com o incremento nos níveis de variabilidade para produção em bovino de leite. Resultados semelhantes foram encontrados por BALIEIRO (2001) para peso ao sobreano em gado de corte, enquanto as estimativas de herdabilidade foram homogêneas entre os níveis de variabilidade para peso a desmama. Por outro lado, TORRES (1998) e MARION et al. (2001), para produção de leite e BALIEIRO (2001), para ganho de peso, relataram que as estimativas de herdabilidade não foram homogêneas entre os níveis de variabilidade, porém, não foi verificado padrão de comportamento na variação das herdabilidades entre os níveis.

MARTINS (2002) citou que em avaliações genéticas na presença de heterogeneidade entre rebanhos, os animais serão avaliados de forma incorreta devido à ponderação dos dados por herdabilidades que não correspondem aos valores reais de cada classe de variabilidade.

De acordo com os resultados apresentados anteriormente, verificou-se que as estimativas de variâncias genéticas para produção nos diferentes níveis de variabilidade foram subestimadas, quando os rebanhos possuíam heterogeneidade para todos os parâmetros (RHTP), mesmo quando os níveis apresentavam alto grau de conexão genética. Este mesmo erro de estimação foi verificado nas análises de característica única geral e específica para cada nível de variabilidade. Portanto, a utilização da análise de características múltiplas que considerou a presença de heterogeneidade entre rebanhos não foi eficiente para melhorar as estimativas de componentes de variância genética e de herdabilidades em cada nível de variabilidade.

Resultado diferente foi encontrado por OLIVEIRA et al. (2001) que concluíram, por intermédio do teste da razão de verossimilhança, que o modelo com três características foi mais adequado quando comparado ao modelo com uma característica que ignora a presença de variâncias heterogêneas entre grupos genéticos.

4.4. Correlações entre valores genéticos preditos e verdadeiros

Como citado anteriormente, uma das grandes vantagens da simulação de dados pelo programa Genesys é que o valor genético verdadeiro de cada animal é conhecido. Assim, foi possível comparar a classificação dos animais com base nos valores genéticos verdadeiros e valores genéticos preditos na presença de heterogeneidade, utilizando a correlação de ordem. A acurácia da avaliação genética foi calculada pela correlação de Pearson entre valores genéticos verdadeiros e preditos (Quadros 18 a 21).

Segundo CREWS e FRANKE (1998) e PUJOL et al. (1998), valores de correlações de ordem inferiores a 70%, podem resultar em alterações importantes na classificação dos animais, e estas alterações comprometerão a seleção e o progresso genético.

Quadro 18 – Correlação de ordem (fora dos parênteses) e de Pearson (dentro dos parênteses) entre valores genéticos verdadeiros e preditos para touros, vacas e progênies, obtidos em análise de característica única (VG-UNI) e análise de características múltiplas (VG-ALTA, VG-MEDIA e VG-BAIXA) para RHTP e vários graus de conexidade genética

	Características			
	VG-UNI	VG-ALTA	VG-MEDIA	VG-BAIXA
Categorias	CG-0			
<i>Touros</i>	2,54 (2,54)	2,32 (3,67)	2,13 (3,48)	2,03 (3,44)
<i>Vacas</i>	1,23 (4,09)	-0,12 (3,68)	-0,14 (3,67)	-0,14 (3,67)
<i>Progênies</i>	10,16 (11,01)	15,31 (15,75)	15,17 (15,55)	15,13 (15,51)
Categorias	CG-20			
<i>Touros</i>	19,51 (32,40)	21,90 (33,17)	-1,84 (-5,02)	-2,59 (-5,94)
<i>Vacas</i>	0,20 (2,15)	-0,18 (-0,46)	0,50 (2,82)	0,49 (2,81)
<i>Progênies</i>	24,44 (33,56)	16,15 (28,98)	4,77 (3,18)	4,28 (2,55)
Categorias	CG-40			
<i>Touros</i>	14,41 (32,56)	28,40 (43,30)	28,40 (43,30)	28,40 (43,30)
<i>Vacas</i>	1,01 (4,74)	0,23 (4,78)	0,23 (4,78)	0,23 (4,78)
<i>Progênies</i>	22,52 (31,73)	32,94 (40,54)	32,94 (40,59)	32,94 (40,54)
Categorias	CG-100			
<i>Touros</i>	93,87 (94,22)	95,81 (95,35)	95,78 (95,28)	90,99 (91,64)
<i>Vacas</i>	17,14 (19,78)	3,22 (5,24)	3,26 (5,32)	3,43 (6,04)
<i>Progênies</i>	42,40 (47,08)	43,64 (47,49)	43,63 (47,47)	42,07 (45,63)

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros;
CG – Conexidade genética.

Quadro 19 – Correlação de ordem (fora dos parênteses) e de Pearson (dentro dos parênteses) entre valores genéticos verdadeiros e preditos para touros, vacas e progênies, obtidos em análise de característica única (VG-UNI) e análise de características múltiplas (VG-ALTA, VG-MEDIA e VG-BAIXA) para RMGS e vários graus de conexidade genética

	Características			
	VG-UNI	VG-ALTA	VG-MEDIA	VG-BAIXA
Categorias	CG-0			
<i>Touros</i>	89,63 (89,96)	86,45 (83,19)	87,44 (85,94)	90,05 (91,89)
<i>Vacas</i>	79,68 (80,29)	76,54 (75,28)	77,77 (75,31)	79,34 (79,97)
<i>Progênies</i>	72,93 (76,54)	69,42 (72,78)	68,80 (6,41)	71,22 (72,66)
Categorias	CG-20			
<i>Touros</i>	90,12 (89,98)	81,94 (79,66)	44,10 (50,01)	66,58 (73,03)
<i>Vacas</i>	80,90 (81,21)	74,03 (70,44)	36,52 (47,33)	51,29 (63,65)
<i>Progênies</i>	75,09 (76,72)	65,95 (66,72)	40,45 (43,29)	51,36 (60,88)
Categorias	CG-40			
<i>Touros</i>	94,27 (93,15)	91,11 (93,25)	88,86 (91,71)	93,82 (93,57)
<i>Vacas</i>	79,11 (80,26)	78,90 (80,07)	77,81 (78,09)	78,34 (78,46)
<i>Progênies</i>	74,65 (78,49)	73,57 (77,44)	73,03 (77,28)	71,42 (72,94)
Categorias	CG-100			
<i>Touros</i>	93,46 (94,33)	91,02	93,49 ()	93,38 (94,23)
<i>Vacas</i>	79,63 (80,55)	79,66	79,76 ()	79,77 (80,93)
<i>Progênies</i>	73,37 (75,86)	71,57	72,11 ()	72,22 (73,14)

RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares;
CG – Conexidade genética.

Quadro 20 – Correlação de ordem (fora dos parênteses) e de Pearson (dentro dos parênteses) entre valores genéticos verdadeiros e preditos para touros, vacas e progênies, obtidos em análise de característica única (VG-UNI) e análise de características múltiplas (VG-ALTA, VG-MEDIA e VG-BAIXA) para RHF e vários graus de conexidade genética

	Características			
	VG-UNI	VG-ALTA	VG-MEDIA	VG-BAIXA
Categorias	CG-0			
<i>Touros</i>	97.05 (97.68)	91.03 (77.12)	87.31 (73.99)	87.38 (70.88)
<i>Vacas</i>	82.50 (83.45)	76.70 (6.43)	74.06 (61.33)	75.29 (62.86)
<i>Progênies</i>	82.93 (84.50)	77.45 (67.27)	74.86 (62.23)	76.28 (63.54)
Categorias	CG-20			
<i>Touros</i>	97.22 (97.78)	73.63 (78.88)	61.79 (65.30)	89.50 (86.88)
<i>Vacas</i>	82.02 (83.52)	49.04 (63.35)	36.03 (46.91)	74.06 (70.99)
<i>Progênies</i>	83.72 (84.79)	57.73 (65.91)	42.40 (50.21)	74.84 (73.44)
Categorias	CG-40			
<i>Touros</i>	97.01 (97.30)	94.08 (93.55)	82.36 (79.28)	90.81 (90.42)
<i>Vacas</i>	81.64 (82.95)	79.46 (79.12)	77.40 (70.32)	76.60 (74.94)
<i>Progênies</i>	82.40 (83.63)	79.70 (79.89)	72.36 (70.11)	76.53 (76.26)
Categorias	CG-100			
<i>Touros</i>	97.77 (98.06)	96.08 (97.05)	97.06 (97.82)	94.50 (94.58)
<i>Vacas</i>	82.62 (83.62)	80.87 (80.23)	82.33 (82.95)	82.02 (81.23)
<i>Progênies</i>	83.71 (84.68)	81.45 (82.20)	83.04 (84.03)	80.75 (81.62)

RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica;
CG – Conexidade genética.

Quadro 21 – Correlação de ordem (fora dos parênteses) e de Pearson (dentro dos parênteses) entre valores genéticos verdadeiros e preditos para touros, vacas e progênies, obtidos em análise de característica única (VG-UNI) e análise de características múltiplas (VG-ALTA, VG-MEDIA e VG-BAIXA) para RSH e vários graus de conexidade genética

	Características			
	VG-UNI	VG-ALTA	VG-MEDIA	VG-BAIXA
Categorias	CG-0			
<i>Touros</i>	95,77 (95,48)	95,62 (95,00)	95,64 (95,13)	95,54 (94,91)
<i>Vacas</i>	81,65 (83,16)	81,67 (83,15)	81,66 (83,13)	81,66 (83,14)
<i>Progênies</i>	82,24 (83,47)	82,20 (83,41)	82,21 (83,42)	82,19 (83,39)
Categorias	CG-20			
<i>Touros</i>	96,91 (97,32)	88,92 (91,42)	92,55 (94,12)	90,52 (83,75)
<i>Vacas</i>	82,96 (84,48)	78,59 (76,64)	81,12 (80,84)	78,88 (73,89)
<i>Progênies</i>	82,93 (83,92)	76,70 (76,02)	80,08 (79,91)	76,01 (73,24)
Categorias	CG-40			
<i>Touros</i>	96,98 (97,28)	94,98 (94,67)	95,86 (95,79)	93,07 (94,28)
<i>Vacas</i>	81,99 (83,73)	81,30 (82,58)	81,70 (83,29)	81,48 (82,23)
<i>Progênies</i>	83,75 (85,07)	82,82 (83,58)	83,28 (84,35)	82,07 (82,95)
Categorias	CG-100			
<i>Touros</i>	97,76 (98,05)	97,84 (98,07)	97,72 (98,00)	97,73 (98,04)
<i>Vacas</i>	82,01 (83,35)	82,01 (83,33)	82,00 (83,32)	82,00 (83,32)
<i>Progênies</i>	83,11 (84,60)	83,07 (84,57)	83,05 (84,55)	83,06 (84,56)

RSH – Rebanhos sem heterogeneidade;
CG – Conexidade genética.

Vários autores relataram que quando a heterogeneidade de variância não é devidamente estudada, pode ocorrer predição viesada do valor genético e redução do progresso genético (RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995a e 1995b e MEUWISSEN et al., 1996).

Neste trabalho, os valores mais baixos de correlações de ordem e de Pearson entre valores genéticos verdadeiros e preditos foram obtidos para a estrutura de dados RHTP. Estes valores foram bem menores que os obtidos para a estrutura de dados RSH (Quadro 18 e 21). Para RHTP, com exceção da classificação de touros com 100% de conectividade genética entre rebanhos, os demais valores de correlação de ordem e de Pearson foram menores que 50%, indicando grandes alterações na classificação dos animais e baixa acurácia na predição dos valores genéticos (Quadro 18).

Utilizou-se a análise de características múltiplas com o objetivo de melhorar a acurácia da predição dos valores genéticos dos animais para dados com heterogeneidade entre rebanhos. Porém, as estimativas das correlações de ordem e de Pearson para os valores genéticos preditos em análise de características múltiplas não foram melhores que as estimativas obtidas para análise de característica única. Em alguns casos, como na classificação de vacas para estrutura RHTP, as correlações de ordem obtidas para os valores genéticos preditos para cada nível de variabilidade foram até menores que os valores obtidos pela análise de característica única (Quadro 18).

Estes resultados revelam que a análise de características múltiplas não foi adequada para eliminar os problemas de heterogeneidade entre rebanhos sobre a acurácia da predição dos valores genéticos dos animais.

Quando os rebanhos apresentavam heterogeneidade para todos os parâmetros (RHTP), a conectividade genética dos dados influenciou as correlações de ordem e de Pearson entre os valores genéticos preditos e verdadeiros. Para o conjunto de dados sem conectividade genética entre rebanhos (CG-0), foram observadas as menores estimativas de correlações de ordem. Estas estimativas variaram de 2,03% a 2,54%, de -0,14% a 1,23% e de

10,16% a 15,31%, para as classificações de touros, vacas e progênes, respectivamente (Quadro 18).

Na maioria das classificações, o aumento do grau de conexão dos dados resultou em aumento nas correlações de ordem e de Pearson. Quando os reprodutores tinham progênes em todos os rebanhos (CG-100), as correlações de ordem e de Pearson entre valores genéticos verdadeiros e preditos dos touros foram superiores a 90%, revelando que o efeito da heterogeneidade entre rebanhos sobre a avaliação genética de touros é pequeno, deste que os dados apresentem alta conexão genética. Porém, esta alta conexão não foi suficiente para eliminar os efeitos da heterogeneidade sobre a avaliação genética das progênes e, principalmente, das vacas. Os valores das correlações de ordem e de Pearson entre valores genéticos verdadeiros e preditos de progênes e de vacas foram muito baixos. Mesmo para 100% de conexão genética entre os níveis de variabilidade estas correlações foram menores que 50%. MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993), BOLDMAN e FREEMAN (1990), TORRES (1998) e BALIEIRO (2001) também encontraram que o efeito da heterogeneidade entre rebanhos foi maior sobre a avaliação genética de vacas.

Para as demais estruturas de dados (RMGS, RHF e RSH) e para alguns casos da estrutura RHTP, foram obtidas predições dos valores genéticos com maior acurácia em análise de característica única do que em análise de características múltiplas, como se observa pelas correlações de Pearson apresentadas nos Quadros 18, 19, 20 e 21. Em alguns casos, para a estrutura RHTP, as correlações de Pearson para valores genéticos preditos em análise de características múltiplas foram superiores às correlações obtidas em análise de característica única, porém, a magnitude destas diferenças foi pequena (Quadro 18).

Considerando a análise de característica única, as correlações de ordem e de Pearson obtidas para as estruturas de dados RSH e RHF foram similares. Estas correlações foram superiores a 95% para touros e superiores a 80% para vacas e progênes (Quadros 20 e 21). Estes valores foram

ligeiramente maiores que os obtidos para a estrutura de dados RMGS. Para esta última estrutura de dados, as correlações de ordem variaram de 89,63% a 94,27%; de 79,11% a 80,90% e de 72,93% a 74,65%; para a classificação de touros, vacas e progênes, respectivamente (Quadro 19).

As correlações de ordem e de Pearson para as estruturas de dados sem heterogeneidade para média genética (RMGS, RHF e RSH) não sofreram influências do grau de conexão genética dos dados. O aumento no grau de conexão dos dados de 0% para 100%, não gerou aumento importante nas correlações dos valores genéticos preditos e verdadeiros (Quadros 19, 20 e 21).

A análise de característica única específica para cada nível de variabilidade não melhorou as estimativas de correlação de ordem e de Pearson entre valores genéticos verdadeiros e preditos para dados com heterogeneidade entre rebanhos (Quadro 22). Por exemplo, para as predições dos valores genéticos de touros e progênes dentro do nível de baixa variabilidade para dados com 100% de conexão genética, as correlações de ordem e de Pearson foram até menores que as obtidas na análise de característica única geral. Assim, a utilização de análises separadas para cada nível de variabilidade, da mesma forma que a análise de características múltiplas, não eliminou os efeitos da heterogeneidade sobre a acurácia da predição dos valores genéticos, para o caso de heterogeneidade em todos os parâmetros.

Estes resultados indicam que quando as predições dos valores genéticos utilizam dados com heterogeneidade apenas para os parâmetros fenotípicos ou com heterogeneidade de variância genética, porém com médias genéticas similares entre rebanhos (RMGS), a ordem de classificação dos animais e a acurácia das avaliações genéticas será próxima à obtida a partir de dados sem heterogeneidade. Porém, quando ocorre heterogeneidade para todos os parâmetros, inclusive para média genética (RHTP), a ordem de classificação dos animais e a acurácia das avaliações, principalmente para vacas e progênes, serão muito afetadas.

Quadro 22 – Correlação de ordem (fora dos parênteses) e de Pearson (dentro dos parênteses) entre valores genéticos verdadeiros e preditos para touros, vacas e progênies, obtidos em análise de característica única geral (VG-UNI) e específica para cada nível de variabilidade (VG-ALTA, VG-MEDIA e VG-BAIXA) para RHTP

	Características			
	VG-UNI	VG-ALTA	VG-MEDIA	VG-BAIXA
Categorias	<i>CG-0</i>			
<i>Touros</i>	2,54 (2,54)	31.69 (32.31)	0.46 (0.05)	6.46 (5.95)
<i>Vacas</i>	1,23 (4,09)	0.87 (8.24)	1.54 (1.68)	2.60 (12.73)
<i>Progênies</i>	10,16 (11,01)	30.18 (31.88)	16.61 (16.14)	12.73 (9.61)
Categorias	<i>CG-100</i>			
<i>Touros</i>	93,87 (94,22)	94.31 (93.80)	83.27 (80.05)	31.02 (31.25)
<i>Vacas</i>	17,14 (19,78)	10.40 (14.37)	4.79 (4.58)	11.78 (17.69)
<i>Progênies</i>	42,40 (47,08)	66.10 (68.27)	55.74 (54.99)	8.63 (8.63)

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade para todos os parâmetros;
CG – Conexidade genética.

4.5. Classificação dos animais geneticamente superiores

Para verificar o efeito da heterogeneidade sobre a seleção de touros, calculou-se a percentagem de animais comuns entre dois grupos de classificação para 5%, 10% e 20% dos melhores touros. No primeiro grupo os touros foram classificados com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única geral e no segundo grupo a classificação ocorreu com base nos valores genéticos verdadeiros dos animais (Quadro 23).

Quadro 23 – Percentagens de animais em comum entre os grupos de classificação com base no valor genético verdadeiro e valor genético predito obtido em análise de característica única geral, para seleção de 5%, 10% e 20% dos melhores touros

Estrutura dos dados				
	RHTP	RMGS	RHF	RSH
Seleção (%)	<i>CG-0</i>			
5	25	50	75	75
10	25	50	88	88
20	33	73	93	73
Seleção (%)	<i>CG-100</i>			
5	100	100	75	100
10	88	88	88	88
20	80	73	93	87

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica; RSH – Rebanhos sem heterogeneidade e CG – Conexidade genética.

Compararam-se os valores genéticos verdadeiros com os preditos em análise de característica única geral, pois, de acordo com os resultados apresentados anteriormente, a análise de característica única específica para cada nível de variabilidade, bem como a análise de características múltiplas não foi eficiente para eliminar os problemas gerados pela heterogeneidade sobre a avaliação genética dos animais.

Considerando a estrutura de dados RHTP e CG-0, as percentagens de animais comuns aos dois grupos de classificação foram baixas. Para 5%, 10% e 20% dos melhores touros, as percentagens de touros comuns aos dois grupos foram de 25%, 25% e 33%, respectivamente. Estes resultados revelam que na presença de heterogeneidade para todos os parâmetros e ausência de conexidade genética dos dados, pequena percentagem dos melhores touros

seria corretamente identificada pela avaliação genética o que comprometerá a eficiência da seleção e, conseqüentemente, o progresso genético. Estes erros na classificação dos melhores touros podem levar a grande prejuízo nos programas de melhoramento, principalmente em gado de corte, nos quais touros que assumem as primeiras posições nas avaliações genéticas, tendem a deixar grande número de descendentes.

Para a estrutura de dados RMGS, quando se consideraram 5%, 10% e 20% dos melhores touros, as percentagens de touros comuns aos dois grupos foram, respectivamente, de 50%, 50% e 73% para CG-0. As correlações de ordem entre os valores genéticos verdadeiros e preditos para os touros avaliados para as estruturas CG-0 e CG-100 foram próximas, 89,63% e 93,46%, respectivamente (Quadro 19). No entanto, o efeito deste tipo de heterogeneidade e da falta de conexidade entre os rebanhos foi grande sobre a percentagem de animais comuns entre os dois grupos de classificação, principalmente quando a intensidade de seleção foi alta.

Quando os rebanhos possuíam 100% de conexidade genética, independente do tipo de heterogeneidade presente nos dados, as percentagens de touros comuns nos dois grupos de classificação foram altas, variando de 73% a 100% (Quadro 23). Portanto, a avaliação genética de touros foi pouco influenciada pela presença de heterogeneidade entre os rebanhos, quando os dados apresentavam alta conexidade genética entre os níveis de variabilidade.

Considerando dados com graus intermediários de conexidade (CG-20 e CG-40), as percentagens de touros comuns entre grupos de classificação variaram de 25% a 63%. Porém, a estrutura de dados com maior grau de conexidade não apresentou o maior número de animais comuns entre grupos de classificação como era esperado. Mas este resultado está de acordo com os valores de correlação de ordem apresentados anteriormente.

WEIGEL et al. (2001) estimaram parâmetros genéticos e valores genéticos para produção de leite de reprodutores utilizados em vários países. Estes autores encontraram grandes alterações na ordem de classificação dos

touros geneticamente superiores com base nos valores genéticos preditos para cada país. Segundo os autores, estes resultados podem refletir as diferenças nos sistemas de produção destes países, ou simplesmente uma carência de informação devido à pequena ligação genética entre os países criada pelo uso de poucos touros em comum.

A posição real de classificação dos 15 melhores touros efetuada com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única para as estruturas RHTP e RSH é apresentada no Quadro 24. Os resultados para as estruturas RMGS e RHF foram similares aos apresentados para RSH.

Considerando os valores genéticos preditos, na estrutura de dados RHTP e CG-0, muitos touros com menor potencial genético foram classificados entre os animais geneticamente superiores. Com base nos valores genéticos preditos, 10 animais cuja posição real é bem superior à 15^a colocação foram classificados, incorretamente, entre os 15 melhores touros (Quadro 24).

No entanto, quando os dados apresentavam 100% de conectividade (CG-100) ou não havia heterogeneidade entre rebanhos (RSH), os erros de classificação dos touros foram menores. Nestes casos, embora continuem ocorrendo pequenas alterações na ordem de classificação, apenas alguns animais com posição real superior à 15^a colocação foram classificados entre os 15 melhores (Quadro 24).

Quadro 24 – Posição real de classificação dos 15 melhores touros classificados com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única nas diferentes estruturas de dados simuladas

Ordem	RHTP		RSH	
	CG-0	CG-100	CG-0	CG-100
1 ^a	1 ^a	1 ^a	2 ^a	1 ^a
2 ^a	28^a	2 ^a	3 ^a	2 ^a
3 ^a	69^a	3 ^a	8 ^a	3 ^a
4 ^a	44^a	4 ^a	4 ^a	4 ^a
5 ^a	13 ^a	6 ^a	1 ^a	6 ^a
6 ^a	16^a	8 ^a	5 ^a	5 ^a
7 ^a	7 ^a	5 ^a	6 ^a	7 ^a
8 ^a	46^a	10 ^a	11 ^a	16^a
9 ^a	50^a	7 ^a	14 ^a	10 ^a
10 ^a	6 ^a	20^a	13 ^a	13 ^a
11 ^a	17^a	14 ^a	28^a	15 ^a
12 ^a	5 ^a	11 ^a	20^a	12 ^a
13 ^a	21^a	18^a	21^a	11 ^a
14 ^a	51^a	33^a	17^a	20^a
15 ^a	23^a	13 ^a	15 ^a	8 ^a

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RSH – Rebanhos sem heterogeneidade e CG – Conexidade genética; Negrito – Maiores alterações na ordem de classificação dos touros.

Para verificar o efeito da heterogeneidade sobre a seleção de vacas, o mesmo procedimento realizado para os touros foi adotado. Calculou-se a percentagem de vacas comuns entre os dois grupos de animais classificados com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única e com base nos valores genéticos verdadeiros para 5%, 10% e 20% das melhores vacas (Quadro 25).

Quadro 25 – Percentagens de animais em comum entre os grupos de classificação com base no valor genético verdadeiro e valor genético predito obtido em análise de característica única geral, para seleção de 5%, 10% e 20% das melhores vacas

Estrutura dos dados				
	RHTP	RMGS	RHF	RSH
Seleção (%)	<i>CG-0</i>			
5	14	51	52	55
10	19	59	59	63
20	26	64	67	65
Seleção (%)	<i>CG-100</i>			
5	16	45	52	53
10	22	56	61	61
20	32	64	67	67

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica; RSH – Rebanhos sem heterogeneidade e CG – Conexidade genética

Considerando a estrutura de dados RHTP e CG-0, as percentagens de vacas comuns entre os grupos de classificação foram muito baixas e variaram de 14% a 26%. Com o aumento da conexidade genética entre os rebanhos, estas percentagens tiveram pequeno aumento, mas ainda continuaram baixas não ultrapassando 32% de animais comuns para 20% das melhores vacas e CG-100 (Quadro 25). Portanto, mesmo para dados com 100% de conexidade genética entre os níveis de variabilidade, a predição dos valores genéticos das vacas foi muito afetada pela presença da heterogeneidade entre os rebanhos para parâmetros genéticos e fenotípicos. Nestas condições, apenas pequena percentagem das vacas geneticamente superiores será identificada corretamente pela avaliação genética.

Para a maioria das estruturas de dados, o aumento na conectividade genética entre os níveis não melhorou as predições dos valores genéticos das vacas. As percentagens de animais comuns entre os grupos de classificação foram similares para as estruturas de dados com 0% e 100% de conectividade genética.

Para as estruturas de dados RMGS, RHF e RSH, os resultados foram semelhantes. As percentagens de vacas comuns, entre os grupos de classificação, variaram de 45% a 67%. Para estas estruturas de dados, maior percentagem das melhores vacas será corretamente identificada pela avaliação genética em relação aos dados com heterogeneidade para todos os parâmetros. O aumento na conectividade genética entre os níveis de variabilidade não aumentou a percentagem de animais comuns entre os grupos de classificação. Para todas as estruturas de dados, quanto mais intensa a seleção menor a percentagem de animais comuns entre os grupos de classificação, uma vez que o efeito dos erros na ordem de classificação é mais evidente quando pequeno número de animais é selecionado.

O erro na classificação das vacas pode prejudicar a seleção e o progresso genético dentro dos rebanhos. Mas o maior efeito da heterogeneidade sobre o progresso genético ocorrerá, principalmente, na seleção de vacas que serão mães de touros ou vacas doadoras de embriões ou óvulos, uma vez que neste caso é alta a intensidade de seleção e de utilização destas vacas, supostamente, de elevado potencial genético. Assim, qualquer alteração na ordem de classificação das vacas poderá determinar a eliminação de animais de alto valor genético e a seleção de animais com menor potencial genético.

A posição real de classificação das 15 melhores vacas classificadas com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única geral para as estruturas RHTP e RSH é apresentada no Quadro 26. Os resultados para as estruturas RMGS e RHF foram similares aos apresentados para RSH.

Considerando a análise dos dados na presença de heterogeneidade genética e fenotípica, entre as 15 melhores vacas, estão muitos animais de baixo potencial genético cuja posição real, considerando a classificação com base no valor genético verdadeiro, é muito inferior à identificada pela avaliação genética. Muitos animais cuja posição real está acima da 100^a colocação foram classificados entre as 15 melhores vacas (Quadro 26). Quando não havia heterogeneidade entre os rebanhos, embora os erros de classificação não tenham desaparecido, a magnitude destes erros reduziu bastante. Apenas alguns animais com posição real acima da 100^a colocação foram classificados entre as 15 melhores vacas (Quadro 26).

Estes resultados revelaram que a heterogeneidade entre rebanhos para médias genéticas afetou a acurácia da predição dos valores genéticos das vacas. Porém, a heterogeneidade para outros parâmetros como variância genética, média fenotípica e variância fenotípica não influenciou a predição dos valores genéticos das vacas.

O procedimento aplicado para verificar os efeitos da heterogeneidade sobre a seleção de touros e vacas também foi adotado para tourinhos, ou seja, touros jovens sem progênie. Considerando a seleção de 1% e 5% dos melhores tourinhos e a estrutura de dados RHTP, foram encontradas as menores percentagens de animais comuns entre os grupos de classificação (Quadro 27).

Para as estruturas sem heterogeneidade para média genética (RMGS, RHF e RSH), as percentagens de animais comuns entre os grupos de classificação foram maiores, variando de 35% a 53% e de 47% a 62% para a seleção de 1% e de 5% dos melhores tourinhos, respectivamente (Quadro 27).

Semelhantemente ao que ocorreu na seleção de vacas, para tourinhos a percentagem de animais comuns entre grupos de classificação foi menor para a intensidade de seleção mais alta (1% dos melhores tourinhos).

Quadro 26 – Posição real de classificação das 15 melhores vacas classificadas com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única geral nas diferentes estruturas de dados simuladas

Ordem	RHTP		RSH	
	CG-0	CG-100	CG-0	CG-100
1 ^a	663^a	4 ^a	3 ^a	4 ^a
2 ^a	26 ^a	892^a	6 ^a	1 ^a
3 ^a	357^a	5 ^a	1 ^a	2 ^a
4 ^a	15 ^a	893^a	2 ^a	28 ^a
5 ^a	916^a	786^a	27 ^a	27 ^a
6 ^a	10 ^a	310^a	12 ^a	236^a
7 ^a	324^a	518^a	139^a	10 ^a
8 ^a	296^a	23 ^a	5 ^a	129^a
9 ^a	609^a	312^a	88 ^a	128^a
10 ^a	2 ^a	431^a	20 ^a	34 ^a
11 ^a	559^a	262^a	59 ^a	17 ^a
12 ^a	1857^a	2181^a	29 ^a	23 ^a
13 ^a	401^a	1098^a	125^a	56 ^a
14 ^a	333^a	258^a	32 ^a	271^a
15 ^a	11 ^a	253^a	39 ^a	398^a

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RSH – Rebanhos sem heterogeneidade e CG – Conexidade genética; Negrito – Maiores alterações na ordem de classificação.

Para a maioria das estruturas de dados, o aumento na conectividade genética entre os níveis não melhorou as predições dos valores genéticos de tourinhos. As porcentagens de animais comuns entre os grupos foram similares para as estruturas de dados com 0% e 100% de conectividade genética. Exceto para a estrutura RHTP e seleção de 5% dos tourinhos, onde a porcentagem de animais comuns aumentou de 24% para 38%, e também, para a estrutura RMGS e seleção de 1% dos tourinhos, onde a porcentagem de animais comuns passou de 35% para 53% quando havia conectividade genética entre os níveis de variabilidade.

Quadro 27 – Percentagens de animais em comum entre os grupos de classificação com base no valor genético verdadeiro e valor genético predito obtido em análise de característica única, para seleção de 1% e 5% dos melhores tourinhos

Estrutura dos dados				
	RHTP	RMGS	RHF	RSH
Seleção (%)	<i>CG-0</i>			
1	20	35	53	40
5	24	47	58	58
Seleção (%)	<i>CG-100</i>			
1	20	53	50	43
5	38	48	54	62

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RMGS – Rebanhos com médias genéticas similares; RHF – Rebanhos com heterogeneidade fenotípica; RSH – Rebanhos sem heterogeneidade e CG – Conexidade genética

O erro na classificação dos tourinhos pode comprometer o sucesso dos programas de melhoramento. Pois, é alto o investimento de tempo e recursos para avaliações subseqüentes destes animais para características reprodutivas, teste de desempenho em centrais e teste de progênies. E também, em razão da eliminação precoce de animais de alto valor genético e à seleção de animais com baixo potencial genético.

A posição real de classificação dos 15 melhores tourinhos classificados com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única geral para as estruturas RHTP e RSH é apresentada no Quadro 28. Os resultados relativos a alterações na ordem de classificação dos animais para as estruturas RMGS e RHF foram similares aos apresentados para RSH.

Para a análise dos dados na presença de heterogeneidade genética e fenotípica (RHTP), tanto para CG-0 como para CG-100, ocorreram grandes

alterações na ordem de classificação dos animais. Muitos animais de baixo potencial genético foram classificados, incorretamente, entre os 15 melhores tourinhos. Por exemplo, considerando a classificação com base no valor genético verdadeiro, muitos animais cuja posição real é bem acima da 100ª colocação foram classificados, incorretamente, entre os 15 melhores tourinhos (Quadro 28).

Na ausência de heterogeneidade entre os rebanhos, os erros de classificação continuaram ocorrendo, porém a magnitude das alterações na ordem de classificação foi bem menor. Apenas um animal com posição acima da 100ª colocação foi classificado, incorretamente entre os 15 melhores (Quadro 28).

Quadro 28 – Posição real de classificação dos 15 melhores tourinhos classificados com base nos valores genéticos preditos na análise de característica única geral nas diferentes estruturas de dados simuladas

Ordem	RHTP		RSH	
	CG-0	CG-100	CG-0	CG-100
1 ^a	1 ^a	1 ^a	1 ^a	1 ^a
2 ^a	188^a	9 ^a	36 ^a	13 ^a
3 ^a	3 ^a	598^a	11 ^a	50 ^a
4 ^a	110^a	18 ^a	29 ^a	2 ^a
5 ^a	8 ^a	261^a	4 ^a	9 ^a
6 ^a	873^a	34 ^a	27 ^a	3 ^a
7 ^a	594^a	194^a	42 ^a	17 ^a
8 ^a	220^a	61 ^a	31 ^a	52 ^a
9 ^a	173^a	13 ^a	14 ^a	22 ^a
10 ^a	1040^a	292^a	193^a	5 ^a
11 ^a	10 ^a	42 ^a	69 ^a	60 ^a
12 ^a	754^a	156^a	44 ^a	29 ^a
13 ^a	138^a	473^a	72 ^a	34 ^a
14 ^a	676^a	130^a	34 ^a	6 ^a
15 ^a	718^a	43 ^a	10 ^a	10 ^a

RHTP – Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; RSH – Rebanhos sem heterogeneidade e CG – Conexidade genética; Negrito – Maiores alterações na ordem de classificação.

Estes resultados sugerem que a heterogeneidade entre rebanhos para médias genéticas teve grande efeito sobre a acurácia da predição dos valores genéticos dos tourinhos. Porém, quando a heterogeneidade entre os rebanhos ocorreu para outros parâmetros como variância genética, média fenotípica e variância fenotípica, os resultados das avaliações genéticas dos tourinhos foram próximos aos obtidos para dados sem heterogeneidade entre rebanhos.

MARTINS (2002), em trabalho de revisão bibliográfica, destacou como causas da heterogeneidade entre rebanhos, as diferenças na composição genética da população causadas por seleção, pela composição racial, por diferenças na intensidade de seleção ou pela interação genótipo-ambiente. Vários outros autores, também relataram que a composição genética dos rebanhos também é um dos fatores responsáveis pela heterogeneidade entre rebanhos. Variâncias heterogêneas para grupos genéticos têm sido encontradas em gado de corte para várias características (RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995; NUÑEZ-DOMINGUES et al., 1995; CREWS e FRANKE, 1998; OLIVEIRA et al., 2001). Estes mesmos autores, também têm demonstrado a alteração na ordem de classificação dos animais quando se considera ou não a heterogeneidade de variância entre grupos genéticos.

Entre grupos genéticos, provavelmente, a média genética dos animais não é homogênea. Assim, os resultados citados por vários autores, bem como os descritos neste trabalho, são fortes evidências de que o problema da heterogeneidade entre rebanhos sobre as avaliações genéticas é devido, basicamente a presença de médias genéticas diferentes entre rebanhos.

5. CONCLUSÕES

A presença de heterogeneidade de média genética entre rebanhos prejudica a acurácia da predição dos valores genéticos de touros e, principalmente de vacas e progênies.

Quando existe 100% de conectividade genética entre os níveis de variabilidade dos rebanhos, não há efeito da heterogeneidade de média genética sobre a avaliação genética de touros, porém, os erros na ordem classificação de vacas e progênies ainda permanecem altos.

A heterogeneidade de variância genética, média fenotípica e variância fenotípica, não prejudica a avaliação genética dos animais. Desde que os rebanhos tenham médias genéticas homogêneas, a acurácia dos valores genéticos preditos a partir de dados com heterogeneidade é próxima à obtida em análises de dados sem heterogeneidade.

Em rebanhos que apresentam heterogeneidade de média genética, as análises de características múltiplas, que consideram a heterogeneidade entre os níveis de variabilidade dos rebanhos, não são eficientes para melhorar a acurácia das predições dos valores genéticos dos animais.

O grau de conectividade genética dos dados influencia os resultados das avaliações genéticas apenas quando os rebanhos apresentam médias genéticas heterogêneas. Para outros tipos de heterogeneidade entre rebanhos,

os resultados das avaliações genéticas para touros, vacas e progênies são semelhantes para os diferentes graus de conectividade.

Os resultados deste trabalho revelam que o problema da heterogeneidade entre rebanhos sobre as avaliações genéticas é devido, basicamente à presença de médias genéticas diferentes entre rebanhos.

REFRÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, C.V. **Efeito da interação reprodutor-rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2000. 80 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- BALIEIRO, J.C.C. **Heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 88 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- BALIEIRO, J.C.C., LOPES, P.S., ELER, J.P. et al. 2002a. Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: Análises de características múltiplas para peso à desmama. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife, PE. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia. CD-ROM. Melhoramento genético animal.
- BALIEIRO, J.C.C., LOPES, P.S., ELER, J.P. et al. 2002b. Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: Análises de característica única para peso à desmama em escala original e transformada. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife, PE. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia. CD-ROM. Melhoramento genético animal.

- BANOS, G., SHOOK, G.E. Genotype by environment interaction and genetic correlations among parities for somatic cell count and milk yield. **J. Dairy Sci.**, v.73, n. 9, p.2563-2573, 1990.
- BASU, S.B., CHATTARAJI, J. Genotype-environment interaction in the evaluation of sires of crossbred cows. **Indian J. Anim. Sci.**, v.58, n.7, p.808-811, 1988.
- BERESKIN, B., LUSH, J.L. Genetic and environmental factors in dairy sire evaluation. III. Influence of environmental and others extraneous correlations among the daughters. **J. Dairy Sci.**, v.48, n.3, p.356-360, 1965.
- BERTRAND, J.K., BERGER, P.J., WILHIAN, R.L. Sire x environment interaction in beef cattle weaning weight field data. **J. Anim. Sci.**, v.60, p. 1396-1402, 1985.
- BERTRAND, J.K., HOUGH, J.D., BENYSHEK, L.L. Sire x environment interaction and genetic correlation of sire progeny performance across region in dam-adjusted field data. **J. Anim. Sci.**, v.64, p. 77-82, 1987.
- BITTENCOURT, T.C.B.S.C. **Interação fazenda x touros sobre a idade ao primeiro parto em vacas da raça Nelore.** Belo Horizonte: Universidade Federal de Minas Gerais, 1993. 63 p. Tese (Mestrado) - Universidade Federal de Minas Gerais, 1993.
- BOLDMAN, K.G., FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **J. Dairy Sci.**, v. 73, n. 2, p. 503-512, 1990.
- BROWNIE, C., BOOS, D.D., OLIVER, J.H. Modifying the *t* and ANOVA *F* test when treatment is expected to increase variability relative to controls. **Biometrics**, v. 46, n. 1, p. 259-266, 1990.
- CANAVESI, F. **Sire by Herd interaction effect when variances across herd are heterogeneous.** MSc Diss., Univ. Guelph, 1993.

- CANAVESI, F., SCHAEFFER, L.R., BURNSIDE, E.B. et al. Sire x herd interaction effect when variance across herds are heterogeneous. I. Expected genetic progress. **J. Anim. Bree. Genet.**, v.112, p. 95-106, 1995a.
- CANAVESI, F., SCHAEFFER, L.R., BURNSIDE, E.B. et al. Sire x herd interaction effect when variance across herds are heterogeneous. II. Within-herd variance component estimates. **J. Anim. Bree. Genet.**, v.112, p. 107-116, 1995b.
- CARABAÑO, M.J., WADE, K.M., VAN VLECK, L.D. Genotype by environment interaction for milk and fat productions across regions of The United States. **J. Dairy Sci.**, v. 73, n. 1, p. 173-180, 1990.
- CARNEIRO, A.P.S. **Efeito do grau de conexidade dos dados sobre a avaliação genética animal.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1999. 62 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- COSTA, C.N. Interação genótipo x ambiente em gado de leite. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1, 1999, Viçosa. **Anais ... Viçosa: UFV**, p.161-191, 1999.
- CREWS, D.H., FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. **J. Anim. Sci.**, v. 76, p. 1803-1809, 1998.
- DE VEER, J.C., VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. **J. Dairy Sci.**, v. 70, n.7, p.1434-1441, 1987.
- DEVILLIER, J.E., YILMAZ, A., FRANKE, D.E. et al. Sire breed x sex calf interaction for birth and weaning traits in multi-breed data. **J. Anim. Sci.**, v. 79, Supplement 2, p. 6, 2000.
- DE MATTOS, D., BERTRAND, J.K, HERRING, W.O. et al. Sire and maternal grandsire by environment interactions for weaning weight in a hereford beef cattle population in Uruguay. **J. Anim. Sci.**, v.74, (Suppl. 1): 106 (Abstr.),1996.

- DE MATTOS, D., BERTRAND, J.K., MISZTAL, I. Investigation of genotype x environment interaction for weaning weight for Herefords in three countries. **J. Anim. Sci.**, v.78, p. 2121-2126, 2000a.
- DE MATTOS, D., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. Variance and covariance components for weaning weight for Herefords in three countries. **J. Anim. Sci.**, v.78, p. 33-37, 2000b.
- DICKERSON, G.E. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Anim. Prod.**, v. 4, p. 47, 1962.
- DONG, M.C., MAO, I.L. Heterogeneity of (co) variance and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. **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.
- EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 149 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**, 4 ed. New York: Longman Group Limited, 1996, 640p.
- FAMULA, T.R. Detection of heterogeneous variance in herd production groups. **J. Dairy Sci.**, v. 72, n. 3, p. 715-721, 1989.
- FERREIRA, G.B., MACNEIL, M.D., VAN VLECK, L.D. Variance components and Breeding Values for Growth Traits from Different Statistical Models. **J. Anim. Sci.**, v. 77, p. 2641-2650, 1999.

- FERREIRA, V.C.P. **Interação genótipo-ambiente de algumas características produtivas em gado de corte no Brasil.** Belo Horizonte, MG: Universidade Federal de Minas Gerais, 1999. 32 p. Tese (Mestrado em Ciências Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, 1999.
- FOULLEY, J.L., BOUIX, J., GOFFINET, B. et al. **Connectedness in genetic evaluation.** In: GIANOLA, D., HAMMOND, K., (Eds.) *Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock.* Armidale, Austrália, ABGU, p. 302-337, 1987.
- FREITAS, A.R. Avaliação de procedimentos na estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte. **Rev. Bras. Zootec.**, v. 29 (1), p. 94-102, 2000.
- 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.
- GIANOLA, D. On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theor. Appl. Genet.**, v. 64, n. 6, p. 1362-1370, 1986.
- GIANOLA, D., FOULLEY, J.L., FERNANDO, R.L. et al. Estimation of heterogeneous variances using empirical Bayes methods: theoretical considerations. **J. Dairy Sci.**, v. 75, n. 10, p. 2805-2823, 1992.
- GOMES, S.T. Transformações na cadeia do leite. **J. Prod. Leite**, v. 9, n. 9, p. 1, 1997.
- HENDERSON, C.R. **Selection index and expected genetic advance.** In: NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE/NATIONAL RESEARCH COUNCIL - NAS / NRC. *Statistical genetics and plant breeding.* - Washington, DC: p. 141-163, 1963.
- HERRING, W.O., BERTRAND, J.K., BENYSHEK, L.L. Genotype by environment interaction in Hereford beef cattle data in the United States and Canada. **J. Anim. Sci.**, v. 73, Supplement 1, p. 163 (Abstr.), 1995.

- HOURI NETO, M. **Interação genótipo-ambiente e avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa, usados no Brasil e nos Estados Unidos da América.** Belo Horizonte, MG: Universidade Federal de Minas Gerais, 1996, 204p. Tese de Doutorado - Universidade Federal de Minas Gerais, 1996.
- 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.
- KACHMAN, S.D., EVERETT, R.W. A multiplicative mixed model when the variances are heterogeneous. **J. Dairy Sci.**, v. 76, n. 3, p. 859-867, 1993.
- KENNEDY, B.W., TRUS, D. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. **J. Anim. Sci.**, v. 71, n. 9, p. 2341-2352, 1993.
- LEE, K.J., PARK D.K. Heterogeneity of milk production levels in Korean dairy herds. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5, 1994, Ontário. **Proceedings...**, v. 17, p. 46-49.
- LOFGREN, D.L., VINSON, W.E., PEARSON, R.E. et al. Heritability of milk yield at different herds means and variance for production. **J. Dairy Sci.**, v.68, n. 10, p. 2737-2739, 1985.
- MARION, A.E., RORATO, P.R.N., FERREIRA, G.B. et al. Estudos da Heterogeneidade das Variâncias para Características Produtivas de Rebanhos da Raça Holandesa no Rio Grande do Sul. **Rev. Bras. Zootec.**, v. 30 (6) – Supl., p. 1995-2001, 2001.
- MARTINS, E.N. 2002. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife, PE. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia. CD-ROM. Melhoramento genético animal.
- MARTINS, E.N. Uso de modelos mistos no melhoramento animal. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE PRODUÇÃO de NÃO-RUMINANTES, 1994, Maringá: **Anais...** Maringá, p. 41-46, 1994.

- MATHUR, P.K., SULLIVAN, B., CHESNAIS, J. **Estimation of the degree connectedness between herds or management groups in the canadian swine population.** Canadian Center for Swine Improvement, Central Experimental Farm, Bldg. #54, Maple drive, Ottawa, ON, K1A 0C6, 19 p., 1999 (<http://www.ccsi.ca/pramod/connectedness.htm>).
- MEUWISSEN, T.H.E., JONG, G., ENGEL, B. Joint Estimation of Breeding Values and Heterogeneous Variances of Larges Data Sets. **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. **Livest. Prod. Sci.**, v. 33, p. 31-41, 1993.
- MEZZADRA, C., ESCUDER, J., MIQUEL, M.C. Effects of genotype and stocking density on post-weaning daily gain and meet production per hectare in cattle. **Anim. Prod.**, v.55, n. 2, p. 317-340, 1992.
- MEYER, K. Estimates of variances due to sire x herd interaction and environment covariance between paternal half-sibs for first lactation dairy production. **Livest. Prod. Sci.**, v.17, p. 95-115, 1987.
- MEYER, K. Estimates of genetic parameters and breeding values for New Zealand and Australian Angus cattle. **Aust. J. Agric. Res.**, v. 46. N. 6, p. 1219-1229, 1995.
- MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environment covariance. **Livest. Prod. Sci.**, v. 52, p. 187-199, 1997.
- 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.
- MORGAN, J.H.L., CLARK, A.J., GRAHAM, J.F. The productivity of crossbred and straightbred cows when grazed separately at three stocking rates. **Aust. Prod.**, proceedings... v.19, p. 17-20, 1992.

- MORRIS, C.A., BAKER, R.L., HICKEY, S.M. et al. Evidence of genotype by environment interaction for reproductive and maternal traits in beef cattle. **Anim. Prod.**, v.56, n. 1, p. 69-83, 1993.
- MRODE, R.A., SWANSON, G.J.T., SMITH, C. et al. Animal model estimates of sire-herd interactions for production traits for the major dairy breeds in the United Kingdom. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5, 1994, Ontario. **Proceedings...** Ontario, v.17, p. 19-22, 1994.
- NORMAN, H.D. Factors that should be considered in a national sire summary model. **J. Dairy Sci.**, v.57, n.7, p. 955-962, 1974.
- NORTHCUTT, S.L., AARON, D.K., THRIFT, F.A. Influence of specific genotype x environment interactions on preweaning beef cattle traits in the southern region. **App. Agric. Res.**, v. 5, n. 1, p. 63-69, 1990.
- NOTTER, D.R., TIER, B., MEYER, K. Sire x herd interaction for weaning weight in beef cattle. **J. Anim. Sci.**, v.70, n. 8, p. 2359-2365, 1992.
- NUGENT, R.A. III, JENKINS, T.G., ROBERTS, A.J. et al. Relationship of post-partum interval in mature beef cows with nutritional environment, biological type and serum IGF-1 concentrations. **Anim. Prod.**, v.56, n. 2, p. 193-200, 1993.
- NUÑEZ-DOMINGUEZ, R., VAN VLECK, L.D., CUNDIFF, L.V. et al. Prediction of genetic values of sires for growth traits of crossbred cattle using a multivariate animal models with heterogeneous variances. **J. Anim. Sci.**, v.73, p. 2940-2950, 1995.
- OLIVEIRA, C.A. L., MARTINS, E.N., FREITAS, A.R. et al. Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da raça Canchim. **Rev. Bras. Zootec.**, v. 30 (4), p. 1212-1219, 2001.
- PACKER, I.U. Interação genótipo-ambiente em animais. In: SEMINÁRIO DE BIOTECNOLOGIA AGRÍCOLA, 3 , 1985, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1985. p. 201-221.
- PAREKH, H.K.B., BAGHEL, A.S. Genotype X environment interaction for milk production using crossbred progenies in India: different approaches for its estimation. **Indian J. Dairy Sci.**, v.44, n.7, p. 406-411, 1991.

- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: Editora, 1996. 416 p.
- PUJOL, M.R., PIEDRAFITA, J., QUINTANILLA, R. et al. Accounting for heterogeneous variances across herd for swine production traits using a multiplicative mixed model. In: Proc. World Congress Applied to Livestock Production, 1998. Armadale. **Proceedings...**, n. 648, s/p.
- RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., PINTO, C.A.B.P. **Genética na Agropecuária**. 2. ed., São Paulo: Globo, 359 p., 1990.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v. 15, p. 469-485, 1959.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A., VAN VLECK, L.D., CUNDIFF, L.V. Effect of accounting for different phenotypic variances by sire breed, and sex on selection of sires based on expected progeny differences for 200 and 365-day weights. **J. Dairy Sci.**, v. 73, n. 9, p. 2589-2599, 1995a.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A., VAN VLECK, L.D., CUNDIFF, L.V. Heterogeneity of variance by sire breed, sex and dam breed in 200 and 365-day weights of beef cattle from top cross experiment. **J. Anim. Sci.**, v. 73, n. 9, p. 2579-2588, 1995b.
- SANDELIN, B.A., BROWN Jr., A.H., BROWN, M.A. et al. Genotype x forage interaction for mature weight and rate maturing for Angus, Brahman, and reciprocal cross cows. **J. Anim. Sci.**, v. 79, Supplement 2, p. 5, 2000.
- SCHAEFFER, L.R. Technique for partitioning sire evaluations. **J. Dairy. Sci.**, v. 66, n. 7, p. 1519-1527, 1983.
- SHORT, T.H., BLAKE, R.W., QUAAS, R.L. et al. Heterogeneous within-herd variance. 1. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of grade Holstein cows. **J. Dairy Sci.**, v.73, p. 3312-3320, 1990.

- SOTO MURILLO, H.W., FAULKNER, D.B., GIANOLA, D. et al. Sire x pasture program interaction effects on preweaning performance of crossbred beef calves. **Liv. Prod. Sci.**, v. 33, n. 1-2, p. 67-75, 1993.
- STANTON, T.L., BLAKE, R.W., QUAAS, R.L. et al. Genotype by environment interaction for Holstein in milk yield in Colombia, Mexico and Puerto Rico. **J. Dairy Sci.**, v.74, p. 1700-1714, 1991.
- TEIXEIRA, N.M., FREITAS, A.F., VALENTE, J. Correlação de meio-ambiente entre meio-irmãs paternas para a produção de leite na raça Holandesa. **Rev. Bras. Zootec.**, v.21, n.3, p.501-509, 1992.
- TESS, M.W., KRESS, D.D., BURFENING, P.J. et al. Sire by Environment Interaction in Simmental-Sired Calves. **J. Anim. Sci.**, v. 49, p. 964-971, 1979.
- TONG, A.K.W., KENNEDY, B.W., MOXLEY, J.E. Potential errors in sire evaluation from regional genetic differences. **J. Dairy Sci.**, v. 63, n. 4, p. 627-633, 1980.
- TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil.** Belo Horizonte, MG: Universidade Federal de Minas Gerais, 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciências Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.
- VAN TASSELL, C.P., BERGER, P.J. Consideration of sire relationships for estimation on variance components with interaction of herd and sire. **J. Dairy Sci.**, v. 77, p. 313-324, 1994.
- VAN VLECK, L.D., SPLAN, R.K., CUNDIFF, L.V. Heterogeneity of variance and estimation of genetic parameters. **J. Anim. Sci.**, v. 79, Supplement 2, p. 41, 2000.
- VISSCHER, P.M. Power of Likelihood Ratio Test for Heterogeneity of intraclass correlation and variance in balanced half-sib design. **J. Dairy Sci.**, v. 75, n. 5, p. 1320-1330, 1992.

WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Estimation of heterogeneous within-herd variance components using empirical Bayes methods: a simulation study. **J. Dairy Sci.**, v. 75, n. 10, p. 2824-2833, 1992.

WEIGEL, K.A., REKAYA, R. A multiple-trait herd cluster model for international dairy sires evaluation. **J. Dairy Sci.**, v. 83, n. 4, p. 815-821, 2000.

WEIGEL, K.A., REKAYA, R., ZWALD, N.R. et al. International genetic evaluation of dairy sires using a multiple-trait model with individual animal performance records. **J. Dairy Sci.**, v. 84, n. 12, p. 2789-2795, 2001.

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