

**JOSÉ ELIVALTO GUIMARÃES CAMPÊLO**

**Heterogeneidade de Variância na Avaliação Genética de Bovinos da Raça  
Tabapuã**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2001

# JOSÉ ELIVALTO GUIMARÃES CAMPÊLO

## Heterogeneidade de Variância na Avaliação Genética de Bovinos da Raça Tabapuã

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

APROVADA: 12 de fevereiro de 2001.

---

Prof. Robledo de Almeida Torres  
(Conselheiro)

---

Prof. Ricardo Frederico Euclides  
(Conselheiro)

---

Dr. Luiz Otávio Campos da Silva

---

Profa. Carmen Silva Pereira

---

Prof. Paulo Sávio Lopes  
(Orientador)

A minha esposa Maria Zilda e minha filha Tábata Zielly.

A meus pais Simão Celestino e Dagmar.

A meus irmãos Maria Vilma, Neto, Gilson, Simão Filho, Joana D'arc e Samuel.

Aos demais familiares.

## **AGRADECIMENTO**

A Deus, pela consciência da necessidade de sempre seguir em frente.

À Universidade Federal do Piauí, pelo incentivo ao aperfeiçoamento técnico de seu corpo docente.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização do curso.

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

Aos criadores de Tabapuã, pela perseverança na dedicação ao melhoramento da raça.

À Associação Brasileira de Criadores de Zebu e à EMBRAPA - Gado de Corte, pela cessão dos dados da raça Tabapuã.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela orientação, pela amizade, pela confiança e pelo apoio a todas as atividades do curso.

Aos professores Robledo de Almeida Torres e Ricardo Frederico Euclides, pelo aconselhamento, pela amizade e pela atenção dispensada sempre que solicitada e demonstrada em tom de bom humor.

Ao professor Adair José Regazzi, pelo convívio e pelo apoio nas várias disciplinas de Estatística cursadas.

Ao pesquisador da EMBRAPA-Gado de Corte, Dr. Luís Otávio Campos da Silva, pelas sugestões, pelas críticas apresentadas e pela atenção dispensada na disponibilização dos dados para análises.

À professora Carmem Silva Pereira, pelas sugestões e pelas críticas apresentadas.

Ao professor João Camilo Milagres, pelo apoio e pela orientação no início do curso.

Ao professor Marcos David e aos demais colegas de trabalho do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal do Piauí, pelo apoio à realização do curso.

Ao professor Francisco Martins Filho, da Universidade Federal do Ceará, pelo apoio e pelo incentivo.

A minha esposa Maria Zilda e a minha filha Tábata Zielly, pelo amor e pelo carinho sempre presentes em nossas vidas.

Aos familiares de Maria Zilda, pelo apoio e pela amizade.

Ao amigo Valdinar e família, pelo apoio e pelo convívio saudável.

Aos amigos Adriana, Aldrin, Algaci, Amauri, Braccini, Cláudio, Eliane, Eliana, Elizangela, Fabiano, Fausto, Filipe, Gisele, Jaime, Júlio Balieiro, Júnior, Marcos Vinícius, Maria Amélia, Mirela, Paulo Carneiro, Paulo Nobre, Policarpo, Ricardo, Renata, Renato, Rodolpho, Shigueiro, Urbano, Wagner e William, pelo apoio, pelo agradável convívio e pela amizade.

Especial agradecimento a Cláudio, pelo apoio na realização da análise, e a Rodolpho, pela formatação da tese.

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

## **BIOGRAFIA**

José Elivalto Guimarães Campêlo, filho de Simão Celestino Guimarães e Dagmar Guimarães Campêlo, natural de São Félix do Piauí, nasceu em 05 de agosto de 1961.

Em 1984, formou-se em técnico em Mecânica de Produção pela Escola Técnica Federal do Piauí.

Em agosto de 1983, iniciou o curso de Agronomia no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, e, em 1989, foi bolsista de Iniciação Científica do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, sob orientação do professor Edgar Ferreira da Costa, do Departamento de Fitotecnia da UFPI.

Em dezembro de 1989, graduou-se em Agronomia pela Universidade Federal do Piauí e, em março de 1990, iniciou o curso de Mestrado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se ao exame final de defesa de tese em julho de 1992.

De abril de 1992 a agosto de 1993, foi professor substituto (classe assistente) no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da

UFPI e, em setembro de 1993, foi contratado, por concurso público, como professor assistente para ministrar aulas de Melhoramento Animal no Departamento de Zootecnia da Universidade Federal do Piauí.

Em março de 1997, iniciou o curso de Doutorado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se ao exame final de defesa de tese em 12 de fevereiro de 2001.

## ÍNDICE

	Página
RESUMO.....	ix
ABSTRACT.....	xi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Efeitos maternos nas avaliações genéticas.....	3
2.2. Uso de transformações como procedimento de ajuste dos dados.....	10
2.3. Heterogeneidade de variâncias em avaliações genéticas.....	16
2.3.1. Fatores causadores da heterogeneidade de variâncias.....	16
2.3.2. Procedimentos propostos para análises de variâncias heterogêneas.....	19
2.3.3. Resultados de estudos sobre heterogeneidade de variâncias nas avaliações genéticas.....	22
2.3.4. Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo-ambiente..	25
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1. Origem e edição dos dados.....	29

3.2. Formação das classes de desvio-padrão fenotípico.....	30
3.3. Efeitos maternos .....	32
3.4. Utilização de funções de transformação nos dados.....	33
3.5. Correlações entre os valores genéticos dos reprodutores.....	34
3.6. Modelos estatísticos.....	35
3.6.1. Análises de característica única.....	36
3.6.2. Análises de características múltiplas.....	37
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	40
4.1. Análise da importância dos efeitos maternos nas avaliações..... genéticas.....	40
4.2. Ajustamento à heterogeneidade de variâncias com utilização de transformação nos dados.....	50
4.3. Heterogeneidade de variâncias com utilização de modelos lineares para múltiplas características.....	55
5. RESUMO E CONCLUSÕES.....	67
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	71
7. APÊNDICE.....	81

## RESUMO

CAMPÊLO, José Elivalto Guimarães, D.S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2001. **Heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Tabapuã.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Conselheiros: Robledo de Almeida Torres e Ricardo Frederico Euclides.

Com base no banco de dados usado na avaliação genética, em nível nacional, da raça Tabapuã, objetivou-se verificar a importância de efeitos maternos e a influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte. Dados de pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, referentes a 35.478, 34.303 e 26.892 animais, respectivamente, foram estratificados com base no desvio-padrão fenotípico dos grupos de contemporâneos, com peso aos 120 dias, em três classes: baixo (< 14,9 kg), médio (de 14,9 a 18,3 kg) e alto (>18,3 kg) desvios-padrão. Avaliaram-se modelos com e sem efeitos maternos pelo teste da razão de verossimilhança. Em análises de característica única geral, as herdabilidades diretas foram de 0,17, 0,15 e 0,12, em modelos com efeitos maternos, e de 0,28, 0,29 e 0,15, em modelos sem efeitos maternos, para pesos aos 120, 240 e 420 dias,

respectivamente. Os efeitos maternos mostraram-se mais importantes nos pesos nas fases da pré-desmama e da desmama, com herdabilidades de 0,13 e 0,17, respectivamente. Constatou-se antagonismo entre os efeitos genéticos direto e materno, com correlações de  $-0,40$ ,  $-0,48$  e  $-0,21$  para pesos aos 120, 240 e 420 dias, respectivamente. No estudo da heterogeneidade de variâncias recorreu-se à utilização de transformações para a escala logarítmica e à padronização, dividindo-se o valor do registro pelo desvio-padrão fenotípico da classe. Ao constatar a ineficiência das transformações, realizaram-se análises de características múltiplas, sendo o peso, em cada classe de desvio-padrão fenotípico, considerado característica distinta. Nas análises de múltiplas características, em que o peso foi considerado característica distinta em cada classe de desvio-padrão fenotípico, constatou-se que variâncias genéticas e residuais aumentaram com o aumento do desvio-padrão fenotípico da classe, implicando herdabilidades nas classes de baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípico iguais, respectivamente, a 0,26, 0,32 e 0,37 (peso aos 120 dias), 0,28, 0,35 e 0,35 (peso aos 240 dias) e 0,14, 0,18 e 0,18 (peso aos 420 dias). As correlações genéticas entre o mesmo peso, nas classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos (classes representativas de ambientes mais contrastantes), foram inferiores a 0,80. As correlações entre os valores genéticos, obtidos de análises múltiplas e de análise geral (sem as classes), foram superiores a 0,93. Nas classes de maior desvio-padrão fenotípico, foram observados maiores médias e desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores. Ao selecionar 10% dos melhores reprodutores, observou-se maior percentual de touros em comum, classificados por análise de característica geral (sem as classes), quando comparados com os classificados na classe de alto desvio-padrão das análises de características múltiplas.

## ABSTRACT

CAMPÊLO, José Elivalto Guimarães, D.S., Universidade Federal de Viçosa, february of 2001. **Heterogeneity of Variance on genetic evaluation of Tabapuã cattle.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Committee Members: Robledo de Almeida Torres e Ricardo Frederico Euclides.

Data of Tabapuã cattle were used to verify the influence of maternal effects and heterogeneity of variance on genetic evaluation of beef cattle. Data of adjusted weight of 35,478, 34,303 and 26,892 animals, at 120, 240 and 420 days of age, respectively, were used to classify contemporary groups among three classes of phenotypic standard deviation: low ( $< 14.9$  kg), medium (from 14.9 to 18.3 kg) and high ( $> 18.3$  kg). The likelihood ratio test was applied to evaluate models with or without maternal effects. In a general analysis with single trait, the direct heritabilities were 0.17, 0.15 and 0.12, in the models with maternal effects, and 0.28, 0.29 and 0.15 in the models without maternal effects, for weights at 120, 240 and 420 days, respectively. The inclusion of the maternal effects was more important on pre-weaned and weaned weights, with heritabilities of 0.13 and 0.17, respectively. An antagonism between genetic

direct and maternal effects was verified, with correlations of -0.40, -0.48 and -0.21 for weights at 120, 240 and 420 days, respectively. The data were transformed to base 10 logarithmic and standardized as a ratio of the phenotypic standard deviation of the class. Data transformation did not eliminate the heterogeneity of variance among classes. Multiple trait analysis, considering each class of phenotypic standard deviation as a distinct trait, were realized. The genetic and residual variances increased with the increase on phenotypic standard deviation of the class. Heritabilities on low, medium and high standard deviation classes were 0.26, 0.32 and 0.37 (weight at 120 days), 0.28, 0.35 and 0.35 (weight at 240 days) and 0.14, 0.18 and 0.18 (weight at 420 days), respectively. Genetic correlations between the same weight, on low and high phenotypic standard deviation, were lower than 0.80. The correlations between breeding values, obtained from multiple analysis, and from general analysis (without classes), were greater than 0.93. In the classes of higher phenotypic standard deviation greater means and standard deviations of the sire's breeding values were observed. Selecting 10% of the top sires, it was observed a greater percentage of common sires, classified by general trait analysis (without classes), when compared with sires classified on the high standard deviation class of the multiple traits analysis.

## 1. INTRODUÇÃO

As avaliações genéticas em bovinos de corte e de leite são, geralmente, realizadas em nível nacional e abrangem registros de produção obtidos de rebanhos que apresentam grande variação de região geográfica, manejo alimentar e sanitário, e diferenças genéticas. Por essa razão, os rebanhos chegam a diferir muito na média de produção e na variância fenotípica, principais características de importância econômica.

Nessas condições, até mesmo os procedimentos de avaliação genética que produzem soluções, com propriedades de melhor predição linear não-viesada (BLUP), estão sujeitos a erros que podem comprometer o progresso genético esperado pela seleção, quando realizada entre rebanhos. Segundo HENDERSON (1984) e GIANOLA (1986), a utilização do BLUP, mediante metodologia de modelos mistos, acomoda a heterogeneidade de variâncias; no entanto, seria necessário que os verdadeiros componentes de variâncias, no estrato heterogêneo, fossem conhecidos, o que é raro de ocorrer.

Outro aspecto que deve ser considerado é que a maior parcela da resposta à seleção, em bovinos de corte, resulta da seleção de reprodutores. Dessa forma, seria desejável selecionar reprodutores capazes de incrementar o desempenho da

progênie de machos, com vistas em obter características produtivas e, ao mesmo tempo, melhorar o desempenho da progênie de fêmeas para habilidade materna. A importância da influência materna nas características de crescimento em bovinos de corte, até um ano de idade, e o antagonismo entre efeitos diretos e maternos observado indicam a necessidade de reconsideração dos programas de seleção que visem à maximização do ganho genético.

Resultados de pesquisa, especialmente com gado de leite, têm mostrado que a desconsideração das diferenças de variabilidade entre rebanhos, ou mesmo entre outros níveis de estratificações dos dados adotadas, tem levado à concentração de animais, selecionados naqueles rebanhos, com expressão de maior variabilidade fenotípica. Dentre as propostas alternativas para solucionar o problema de variâncias heterogêneas, o agrupamento dos dados, com base em algum critério e posteriores análises de características múltiplas, como fizeram HILL et al. (1983), tem por princípio a proposta, apresentada por FALCONER (1952), de se considerar a expressão de um genótipo, em diferentes ambientes, como característica distinta.

Segundo GARRICK e VAN VLECK (1987), muitos aspectos da suposição de homogeneidade de variâncias podem ser considerados como simplificação. Enquanto não for desenvolvido um método comparável ao BLUP para computar variâncias intra-rebanho que venham de uma amostra de alguma população de variâncias, podem-se usar amplamente técnicas de agrupar rebanhos, pois vale a pena investigar a redução na eficiência da seleção realizada, desconsiderando-se a heterogeneidade de variâncias.

Neste estudo, objetivou-se verificar a importância dos efeitos maternos nas características de crescimento, em bovinos de corte da raça Tabapuã, e, principalmente, avaliar a influência de variâncias genéticas e residuais heterogêneas nas estimativas de parâmetros genéticos dessas características, mediante abordagem do uso de transformações e de técnica de divisão dos dados em subclasses mais homogêneas.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Efeitos maternos nas avaliações genéticas

A complexidade das avaliações genéticas é reflexo da diversidade de fatores existentes nos sistemas de produção dos animais domésticos, visto que dificilmente existirão sistemas com os mesmos manejos e objetivos. Diante dessa situação, as tecnologias de avaliação genética têm evoluído, com certa rapidez, para soluções que sejam cada vez mais eficazes e que venham contribuir para os avanços na produção animal (LEE, 1990).

Segundo ALVES et al. (1999), quanto à precisão na identificação dos animais melhoradores, poucas áreas, sobretudo no campo da Zootecnia, evoluíram tanto nos últimos anos quanto as metodologias de avaliação de reprodutores, impulsionadas, principalmente, pelos avanços da informática e dos recursos computacionais.

Em particular, o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), associado a metodologias de modelos lineares mistos, é considerado o procedimento-padrão para identificação de animais geneticamente superiores e para estimação de tendências genéticas das características consideradas nos programas de

melhoramento animal (GIANOLA et al., 1990). O uso de informações de parentes, explorado por essa metodologia, é também uma das formas de aumentar a precisão do valor genético predito, tornando mais eficiente a identificação dos animais melhoradores.

FRIES (1999) citou o seguinte comentário, feito por Lush (1945), sobre a predição de valores genéticos de touros: ‘o valor numérico real da solução para cada touro é em parte determinado pelo seu valor genético real, mas parcialmente também por quaisquer erros tendenciosos que as soluções contenham além dos resíduos aleatórios. Assim sendo, as soluções irão variar mais que os valores genéticos reais dos touros. Os touros com soluções/estimativas mais altas são geralmente bons touros, mas provavelmente não tão bons quanto indica as suas soluções. Similarmente, os touros com soluções baixas são geralmente touros deficientes, mas usualmente não tão pobres quanto indiquem suas soluções’.

A precisão na estimação dos parâmetros genéticos depende de influências de grande conjunto de fatores. FREITAS (2000) atribuiu maior destaque ao método de estimação utilizado, mas também afirmou que a heterogeneidade de variâncias é um problema que, se não for tratado devidamente, poderá implicar a predição viciada do valor genético. Segundo esse autor, a qualidade dos dados coletados no campo contribui também para diminuir a precisão das avaliações genéticas. ALVES et al. (1999) relataram que muitos esforços têm sido despendidos para conscientizar os pecuaristas sobre a necessidade de coletar dados sem erros. Esse problema é mais sério em pequenos conjuntos de dados, pois, nesse caso, a estimação de alguns componentes de variâncias e covariâncias fica totalmente comprometida.

Num programa de avaliação genética, a relevância econômica das características a serem avaliadas é tão importante quanto a qualidade das soluções obtidas. Em bovinos de corte, os pesquisadores têm mostrado maior interesse pelas características de crescimento dos animais, destacando-se os pesos nas fases de pré-desmama, desmama e pós-desmama. Em relação a essas características, os estudos têm priorizado o conhecimento dos efeitos genéticos aditivos diretos dos animais.

As características de crescimento, como o peso na fase da desmama, entre outras, são influenciadas por dois genótipos que agem em indivíduos e em gerações diferentes. Esse fato determina duas formas de expressão gênica, quais sejam, a direta, que é o efeito dos genes do próprio indivíduo no qual a característica é medida (efeito direto); e a indireta, que é o efeito dos genes da mãe do indivíduo, os quais lhe propiciam o ambiente durante a gestação e na fase de amamentação (efeito materno).

Nos estudos sobre crescimento em gado de corte, o peso corrigido aos 120 dias de idade tem sido utilizado na obtenção de estimativas de ganho genético na fase de pré-desmama. Segundo MERCADANTE e LÔBO (1997), antes do desmame, a produção de leite e a habilidade da mãe em cuidar do bezerro constituem porção importante do ambiente de um animal jovem. Nessas circunstâncias, a manifestação da habilidade materna no desempenho do bezerro pode ser confundida com a expressão dos genes de crescimento, recebidos dos pais.

O peso na fase de desmama é uma característica que tem sido bem mais estudada, visto que representa a capacidade da mãe em criar bem o seu bezerro, além de expressar o mérito genético do próprio animal. É ainda de relevante importância econômica, pois, muitas vezes, os animais são comercializados nessa idade. O peso na fase pós-desmama expressa o potencial genético do próprio animal para ganho de peso e um possível efeito residual da habilidade materna (LÔBO, 1996).

Segundo FERREIRA (1999), a inexistência de informações, por vaca, sobre quantidade, as quais sejam suficientes na estimação de componentes de variâncias e covariâncias maternas com qualidade aceitável, tem levado alguns pesquisadores a sugerirem a retirada desse efeito do modelo. Entretanto, evidências experimentais, com relação à existência e importância de efeitos maternos nos bovinos, são relatadas em inúmeras pesquisas. Enquanto o reprodutor influencia sua progênie somente por meio dos genes que são transmitidos em seus gametas, a matriz pode influenciar sua descendência tanto por meio dos genes que são transmitidos como pelo ambiente materno que ela propicia.

Em relação ao efeito materno, duas áreas têm apresentado particular interesse. A primeira relaciona-se com a obtenção de estimativas de coeficientes de herdabilidade viesadas pela presença do efeito materno, enquanto a segunda envolve a variação genética no efeito materno e a correlação entre efeitos genéticos aditivos direto e materno.

ROBINSON (1981) afirmou que a importância dos efeitos maternos sobre o crescimento de mamíferos jovens é reconhecida desde o século XIX. Segundo MERCADANTE e LÔBO (1997), na estimação dos componentes de covariâncias genéticas direta e materna tem sido usado modelo animal com efeitos maternos, incorporando-se a matriz de relações aditivas entre os animais. Com esse procedimento, muitos dos vícios podem ser reduzidos, dentre os quais a presença de correlação entre as estimativas, que pode ocorrer ao se utilizar a metodologia de análise com vários tipos de parentes, na qual se igualam as esperanças teóricas, em termos de componentes causais, e soluciona-se o sistema de equações lineares. Entretanto, essa metodologia não é capaz de detectar se há mais tipos de parentes na população do que os considerados, além do fato de um indivíduo poder pertencer, simultaneamente, a mais de uma família.

É importante ressaltar que o efeito materno pode variar entre raças e em decorrência do ambiente e do sistema de produção utilizado. Com relação à mãe, esse efeito é considerado de natureza genética, entretanto, em relação às crias, é meramente de ambiente. Segundo MEYER et al. (1994), os efeitos maternos são influências pré e pós-natal, principalmente no plano nutricional, e surgem da capacidade das mães em produzir leite e outros componentes maternos. Para esses autores, a produção de leite da mãe parece ser o componente materno mais importante. Em gado de corte, o coeficiente de herdabilidade da produção de leite pode corresponder à herdabilidade do efeito materno sobre características de crescimento dos bezerros.

De acordo com CUNDIFF (1972), quando o animal é jovem, os efeitos maternos são mais importantes do que os efeitos diretos, mais especificamente no crescimento inicial pós-natal. Esse autor afirmou também que a influência materna diminui, em importância, de forma mais rápida do que acontece com os

efeitos diretos dos genes que influenciam o crescimento, os quais se reduzem, em importância, somente mais tarde.

Para MERCADANTE et al. (2000), após um ano de vida, o efeito materno já não se mostra tão importante e as estimativas dos parâmetros genéticos maternos, obtidas para essa idade, são também questionáveis do ponto de vista de qualidade, pois a ocorrência de crescimento compensatório e, ou, a presença de seleção não permitem quantificar, com eficiência, os efeitos que as crias receberam das mães. Portanto, a relação de dependência mãe-cria vai, relativamente, diminuindo com o avanço da idade dos filhos, sendo rompida quando ocorre a desmama, apesar de as conseqüências dessas relações serem ainda detectadas nos meses subseqüentes.

MERCADANTE e LÔBO (1997) apresentaram estimativas de parâmetros genéticos dos efeitos diretos e maternos, a maioria obtida em populações zebuínas no Brasil, com número de informações que variam de 3.000 a 32.000 registros. Segundo esses autores, tanto para peso na fase de desmame como para peso a um ano de idade, os valores dos parâmetros variaram muito. Nas pesquisas apresentadas prevalece a indicação de que há grande influência materna nas duas características, bem como evidências sobre o antagonismo entre efeitos genéticos diretos e maternos. Segundo ROBINSON (1996a), na literatura internacional também se observa que os valores dos parâmetros genéticos em gado de corte, em cujas análises o efeito materno está presente, são bem conhecidos e variam muito entre estudos.

WILLHAM (1972) afirmou que a existência de correlação negativa entre o efeito genético direto e o materno pode indicar que a mãe transmite à sua progênie um conjunto gênico que é mais eficiente para efeitos diretos e ineficiente para os maternos, ou vice-versa, o que dificulta o melhoramento genético mediante seleção.

Por meio de simulação de dados, VAN VLECK et al. (1977) mostraram que, com uma correlação genética negativa de grande magnitude, o progresso genético é pequeno quando a seleção é feita apenas para o potencial de crescimento. Tal fato pode ocorrer porque, se a resposta aumentar para o componente genético direto em determinada geração, em gerações posteriores, a

maior parte do ganho poderá ser anulada pelo decréscimo ocorrido no componente materno.

Segundo MEYER (1992), a presença de efeitos maternos nos modelos provoca diminuição na variância do efeito genético direto, sendo parte dessa redução explicada pela variância genética materna e por variância de ambiente permanente da mãe do animal. Como há tendência de antagonismo entre os efeitos genéticos diretos e maternos, o conhecimento da influência materna nos pesos pré e pós-desmama e da correlação entre esses efeitos é fundamental na obtenção de estimativas de herdabilidade não-viesada.

SWALWE (1993) comentou que as correlações entre os efeitos genéticos diretos e maternos, dependendo da raça, são, às vezes, positivas ou negativas e que a alteração da amplitude dos valores é provocada por condições de manejo. Outra importante observação foi feita por NASHOLM e DANELL (1996), que afirmaram que as estimativas de correlações entre o efeito direto e o materno, freqüentemente, são mais negativas em dados de campo do que em dados experimentais.

Alguns autores têm chamado atenção também para as conseqüências de se estimarem correlações entre os efeitos genéticos direto e materno principalmente em dados coletados no campo e quando outros efeitos, como interação touro-ano e o 'ambiente permanente da mãe', não estão presentes no modelo, pois podem aumentar ou reduzir os valores da correlações (SOUSA et al., 1999).

DODENHOFF et al. (1999) recomendaram a inclusão de interação rebanho-ano nos modelos, como efeito aleatório não-correlacionado, quando fossem realizadas rotinas de avaliações genéticas na raça Angus, pois poderia haver considerável superestimação dos valores aditivos diretos e maternos, além de viés nas correlações genéticas direto-materna, na ausência da interação.

Em gado de corte, quando os parâmetros genéticos foram analisados para peso ao nascer, na desmama, em um ano e aos 600 dias de idade, ROBINSON (1996a) verificou correlações amplas e negativas entre os valores genéticos direto e materno. Entretanto, ao examinar as correlações entre os valores genéticos estimados e ajustados de modelos alternativos, concluiu que tais estimativas

foram consequência de outros efeitos nos dados, do que apenas evidência de um relacionamento genético negativo.

Por meio de informações simuladas, ROBINSON (1996b) mostrou que estimativas negativas de correlação entre os efeitos genéticos direto e materno, além do antagonismo genético, poderiam ser também decorrentes de uma variação adicional de reprodutores ou da interação reprodutor-ano. Segundo esse autor, nesse caso, a melhor opção seria ajustar modelos alternativos, avaliando-se a sua significância por meio do teste da razão de verossimilhança.

De acordo com ROBINSON (1996b), a presença adicional de variância de touro ou de touro-rebanho, resultante da importação de animais geneticamente superiores ou do favorecimento das progênes de certos touros, ou de falhas na casualização dos grupos de acasalamentos, tem sido responsável por cerca de 6% da variância fenotípica, resultando em estimativas negativas de, aproximadamente,  $-0,5$  para as correlações entre efeitos diretos e maternos.

MEYER (1997) observou que o ajustamento da interação reprodutor-rebanho-ano, como efeito aleatório adicional, aumentou a verossimilhança para todos os conjuntos de dados. As regressões do fenótipo materno estimadas, entretanto, foram pouco influenciadas, enquanto a covariância genética entre os efeitos genéticos direto e materno foi reduzida, em especial, nas raças Angus e Limousin. Para essa autora, os resultados indicam, claramente, diferenças na importância relativa dos efeitos genéticos e do ambiente materno entre raças. Relatou ainda que, entre outros fatores, a heterogeneidade de variância pode também contribuir para uma aparente interação reprodutor-rebanho-ano.

As avaliações genéticas das fêmeas parecem ser mais influenciadas pela presença de variâncias heterogêneas do que as dos reprodutores (IBAÑEZ et al., 1996; CARVALHEIRO et al., 2000), pois estas, geralmente, expressam suas produções em um único rebanho, enquanto a variação apresentada ao longo do tempo, no mesmo rebanho, é relativamente uniforme (BROTHERSTONE e HILL, 1986). Ignorar a heterogeneidade de variâncias nas avaliações de fêmeas tenderia também a favorecer aquelas que produziram em rebanhos com elevada variância, ocorrendo o oposto em rebanhos com baixa variância. A longo prazo, pode-se afirmar que qualquer tendência nas avaliações de fêmeas se acumularia

ao longo do tempo, pois filhas e mães tendem a expressar produções no mesmo rebanho.

Segundo MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993), em condições de variâncias heterogêneas, o viés no valor genético estimado para fêmeas-elite é substancial. O aumento do ganho genético com presença de heterogeneidade de variâncias fenotípicas, mediante a utilização de correção para os efeitos de rebanho-ano, é devido ao aumento no diferencial de seleção de vacas-elite. Tal fato, provavelmente, é decorrente da maior padronização do diferencial de seleção fenotípico ou do maior equilíbrio das variâncias genéticas. Em adição, com variâncias heterogêneas, o impacto no desempenho de vacas selecionadas é maior, porque seus registros de produção têm maior magnitude.

Em síntese, a importância da influência materna nas características de crescimento em bovinos de corte, até um ano de idade, e o antagonismo genético observado indicam a necessidade de reconsideração dos programas de seleção que visem à maximização do ganho genético. A esse respeito, ROBINSON (1996a) afirmou que estudos necessitam ser feitos para comprovar a causa desse antagonismo. Se as interações touro-ano ou outra variância adicional entre os touros tornam-se comuns e persistem nos dados, um *software* de padronização de avaliações genéticas necessita ser desenvolvido, de forma a contemplá-los. Portanto, além da preocupação com a seleção baseada no valor genético para a resposta do efeito genético direto, há necessidade de dar ênfase às características maternas.

## **2.2. Uso de transformações como procedimento de ajuste dos dados**

Nas avaliações genéticas realizadas em nível nacional, o problema de variâncias heterogêneas, em análises com BLUP, foi mais estudado em gado de leite do que em gado de corte. Datam da década de 50 os primeiros estudos sobre o comportamento dos componentes de variâncias, nos quais se avaliaram diferentes níveis de produção dos rebanhos. Como referências citam-se os

trabalhos de MASON e ROBERTSON (1956), ROBERTSON et al. (1960), LEGATES (1962), VAN VLECK (1963), VAN VLECK e BRADFORD (1964).

Segundo VINSON (1987), as avaliações genéticas em gado de leite apresentam as seguintes particularidades: 1) Os rebanhos diferem, apreciavelmente, na produção de leite; 2) As diferenças tendem a ser relativamente constantes, com o tempo; 3) As diferenças genéticas aditivas contribuem com parte da variação entre os rebanhos; e 4) As diferenças entre rebanhos, em termos de variação, podem apresentar efeito potencialmente importante nas avaliações genéticas, particularmente nas vacas. Assim, segundo esse autor, há necessidade de conhecer as formas de ajustes que podem ser usadas para estabilizar as variâncias e de considerar as diferenças de herdabilidades nos rebanhos, nas avaliações genéticas.

A precisão na determinação de uma média depende de sua variância, ou seja, quanto maior for esta, menos precisa será a média, e vice-versa. Portanto, uma determinação feita em grupo com elevada variância não terá a mesma significação que outra feita em grupo com pouca variância (REIS e LÔBO, 1991).

Uma alegação implícita nas justificativas de obtenção de fatores de ajustamento de variâncias em avaliações genéticas nacionais de gado de leite, segundo MEUWISSEN et al. (1996), é que as diferenças entre raças e, ou, entre grupos genéticos são maiores naqueles rebanhos em que ocorrem mais variações na produção, situação em que o maior problema é selecionar indivíduos sob diferentes formas de distribuições.

Segundo VINSON (1987), o principal problema de variâncias heterogêneas entre rebanhos é que a proporção de animais selecionados, em rebanhos de diferentes variâncias, é função das variâncias e da intensidade de seleção. Esse autor citou uma situação que mostra que a maior proporção de indivíduos será selecionada sob distribuição mais variável e que a proporção aumenta com a maior intensidade de seleção.

Na literatura, constata-se número razoável de propostas alternativas para solucionar o problema de variâncias heterogêneas, incluindo o uso de transformações logarítmicas (EVERETT e KEOWN, 1984), de modelos

multiplicativos (KACHMAN e EVERETT, 1993), de modelagem de variâncias específicas para cada ambiente (WELLER et al., 1985), de fatores de ajustamento (LOFGREN et al., 1985; WIGGANS e VAN RADEN, 1991; MEUWISSEN et al., 1996), de procedimentos bayesianos, que combinam informações *a priori* da população e dentro de rebanho (HENDERSON, 1984; GIANOLA, 1986), e de agrupamento dos dados, segundo algum critério específico, e posterior análises, como características múltiplas (HILL et al., 1983; GARRICK e VAN VLECK, 1987; WINKELMAN e SCHAEFFER, 1988).

Segundo EVERETT e KEOWN (1984), o emprego, de forma não-aleatória entre e dentro de rebanhos, de touros por inseminação artificial pelos pecuaristas de gado de leite tem resultado em sérios problemas nas avaliações genéticas feitas nacionalmente. Esse problema se reflete na heterogeneidade de variâncias entre os rebanhos, mais precisamente na constatação da presença de associação entre médias e variâncias dos rebanhos. Esses autores sugeriram que a utilização da transformação dos dados para a escala logarítmica é uma alternativa para remover parte da relação entre médias e variâncias nos rebanhos, nessas avaliações genéticas.

A aplicação mais freqüente das transformações visa à homogeneização da variância do erro; o que se busca, nesse caso, é que a variância dentro dos grupos não ocorra quando a média dos grupos variar. Certas transformações, feitas para corrigir a heterogeneidade, podem favorecer a não-aditividade e a não-normalidade, enquanto outras as desfavorecem; porém, como o prejuízo da não-homogeneidade da variância do erro pode ser maior do que o dos outros defeitos, as transformações resultam em vantagens (REIS e LÔBO, 1991).

De acordo com VINSON (1987), no entanto, a transformação para a escala logarítmica é mais apropriada em análises lineares de modelos multiplicativos, nos quais os grupos de variâncias são proporcionais a suas médias, de modo que médias e variâncias sejam perfeitamente correlacionadas. No entanto, para MIRANDE e VAN VLECK (1985), GARRICK e VAN VLECK (1987) e TORRES et al. (1999), a simplicidade computacional é o que torna interessante o uso da transformação logarítmica.

Para FALCONER (1989), a escolha da melhor transformação deve ser buscada com cautela, visto que esse artifício somente deverá ser utilizado se existirem justificativas suficientes. Entretanto, em argumentos apresentados por VISSCHER e HILL (1992), nas avaliações genéticas em gado de leite, em nível nacional, o enfoque recaiu, fundamentalmente, na importância das pressuposições acerca do comportamento das variâncias heterogêneas em todos os rebanhos.

GIANOLA et al. (1990) argumentaram que, às vezes, é necessário recorrer à transformação, dada a pressuposição que os modelos usados nas análises sejam ‘corretos’ em relação à forma distribucional dos dados. Por outro lado, FREITAS (2000), ao estudar fatores que interferem na precisão das estimativas dos componentes de variâncias, em gado de corte, observou que as transformações, embora tenham fornecido escores eficientes para ajustar os dados a uma distribuição normal, não foram capazes de influenciar as estimativas de herdabilidade obtidas.

Se a verdadeira correlação entre a média e o desvio-padrão fosse a unidade, a transformação logarítmica poderia também remover a heterogeneidade de variâncias. No entanto, as estimativas dessas correlações publicadas, para produção de leite, têm variado de 0,4 a 0,5, divergindo de 1, o que evidencia que essa transformação poderia reverter a correlação, dando uma associação negativa entre a média e o desvio-padrão dos rebanhos (VISSCHER e HILL, 1992). Como consequência, mais animais (por exemplo, mães de touros) poderiam ser selecionados em rebanhos com menores médias, como constatado por vários autores, entre os quais MIRANDE e VAN VLECK (1985) e VAN VLECK (1987). De acordo com VISSCHER e HILL (1992), isso depende da herdabilidade nesses rebanhos.

Se as herdabilidades fossem maiores para as características com registros não-transformados nos grupos com maiores médias, como constatado em vários estudos (HILL et al., 1983; BOLDMAN e FREEMAN, 1990; DONG e MAO, 1990), a transformação poderia reduzir a eficiência da seleção. Em adição, SHORT et al. (1990) mostraram que, com a transformação logarítmica, rebanhos

com menor produção tenderam a apresentar maior número de vacas-elite, o que indica uma superestimação do valor genético desses animais.

De acordo com MIRANDE e VAN VLECK (1985), a transformação logarítmica pode não ser efetiva na estabilização de variâncias, pois, nessa escala, as variâncias tendem a decrescer quando o nível de produção aumentar, subestimando, dessa forma, o valor genético de vacas em rebanhos de alta produção. Outros pesquisadores também têm constatado a ineficácia dessa transformação, quando se deseja atingir tal objetivo, como BROTHERSTONE e HILL (1986). No entanto, ao usarem regressão, VAN VLECK et al. (1985) constataram, para registros tanto em escala original como em escala logarítmica, estimativas de herdabilidades mais altas nos rebanhos com maior do que naqueles de menor produção.

TORRES et al. (1999), ao analisarem registros de produção de gado de leite, também afirmaram que a utilização de transformações de dados não corrigiu, de forma adequada, as diferenças de variâncias genéticas e residuais entre os níveis de produção, embora tenham constatado que as transformações logarítmica e raiz quadrada produziram estimativas de herdabilidades mais próximas entre as classes de desvio-padrão formadas.

MARION et al. (2000b) também concluíram que a aplicação de transformações não foi efetiva para homogeneizar as variâncias entre os níveis de produção de leite, porém os coeficientes de herdabilidades obtidos foram mais homogêneos para os dados na escala logarítmica e quando a produção foi dividida pelo desvio-padrão.

De acordo com GARRICK e VAN VLECK (1987), em situações de maiores herdabilidades, em populações mais variáveis, há, provavelmente, pequena redução de progresso genético ao admitir a homogeneidade de variâncias. No entanto, algumas precauções devem ser tomadas ao usar transformações para a escala logarítmica, pois poderá resultar em maiores herdabilidades para dados na escala logarítmica em ambientes menos variáveis.

Portanto, há divergências entre os pesquisadores acerca do uso de transformações, como para a escala logarítmica, visto que alguns entendem que a eliminação de uma interação permitirá melhor apreciação do processo biológico

importante, enquanto outros defendem que será difícil atribuir, até certo ponto, a real significação biológica do logaritmo do peso (REIS e LÔBO, 1991).

CARVALHEIRO et al. (2000) constataram, por meio de simulação de dados em gado de corte, à semelhança do que afirmaram HILL (1984) e VINSON (1987), para gado de leite, que, quanto maior for a pressão de seleção aplicada, maiores serão as proporções de indivíduos selecionados das classes mais variáveis. Quando utilizaram um fator de ponderação, cujo objetivo era dar menor importância às observações pertencentes a grupos de contemporâneos com maiores variâncias de ambiente, constataram que os efeitos da seleção foram menos acentuados, além de reduzirem os efeitos da heterogeneidade de variâncias.

IBÁÑEZ et al. (1996), ao utilizarem 35.781 grupos de contemporâneos (GC), definidos como combinações dos fatores região, ano de nascimento e nível de manejo do rebanho, formaram, por análise de agrupamento hierárquico, 38 subclasses com base no desvio-padrão e constataram correlação entre a média de produção de leite e o aumento no desvio-padrão médio dos GCs. Nas análises feitas, avaliaram o uso de padronização, ou não, dos dados com base no desvio-padrão dos grupos e notaram leve tendência de uso de touros americanos nos rebanhos mais variáveis, embora esse fato não tenha implicado mudanças no ordenamento destes, ao serem comparados com touros domésticos (espanhóis). Notavelmente, a avaliação das vacas pareceu mais afetada pela padronização que a dos touros. Segundo esses autores, a padronização utilizada nos registros de produção foi considerada apenas mero ajuste de escala dos fenótipos, o qual assumiu uma herdabilidade constante entre as classes de GC e a correlação genética igual à unidade. De qualquer modo, se as herdabilidades não fossem constantes nos GCs, erros na avaliação genética poderiam permanecer.

Segundo REIS e LÔBO (1991), deve ser advertido que as interações podem ser afetadas pelo tipo de transformação e substancialmente aumentadas ou reduzidas. Em alguns casos, dependendo da natureza dos dados, a transformação de escala poderá conduzir à eliminação de uma interação como a genótipo-ambiente (relações não-lineares), enquanto em outras situações tal eliminação poderá, entretanto, não ocorrer.

Alguns pesquisadores, no entanto, não se preocuparam em remover a heterogeneidade de variâncias das análises, mas em caracterizá-la pela interação genótipo-ambiente e, com isto, otimizar a utilização daqueles reprodutores com previsão de melhor desempenho em condições de ambientes mais específicas. Outro ponto enfocado é que, se fosse constatado que o ambiente era a principal causa da heterogeneidade da variância, tornar-se-ia prioritária a recomendação de melhorias nas condições de manejo, para que os animais avaliados tivessem condições de expressar seu potencial genético, como sugerido por TORRES et al. (2000).

## **2.3. Heterogeneidade de variâncias em avaliações genéticas**

### **2.3.1. Fatores causadores da heterogeneidade de variâncias**

A origem da heterogeneidade de variâncias, nos registros de produção dos animais domésticos, é atribuída a muitos fatores, como, por exemplo, à diferença de variabilidade genética entre os rebanhos. Apesar de a variabilidade genética ser a base do melhoramento animal por meio da seleção, parece ser importante considerar essa diferença, quando da realização de avaliações genéticas, em nível nacional.

À semelhança do que afirmaram EVERETT e KEOWN (1984), sobre a variabilidade genética que é criada entre rebanhos, ao serem utilizados touros, mediante inseminação artificial de forma não-casualizada, nos rebanhos, segundo GARRICK et al. (1989), a utilização de reprodutores com valores genéticos elevados tem, de certa forma, contribuído para maior presença de variabilidade genética entre rebanhos de bovinos de corte.

Segundo BOLDMAN e FREEMAN (1990), à medida que vacas de leite de melhor mérito genético são incluídas nas avaliações, há incremento na heterogeneidade de variância, razão por que o uso de métodos de correção se faz necessário para aumentar a precisão dos parâmetros genéticos estimados. Complementando essa informação, VAN DER WERF et al. (1994) afirmaram

que a simples utilização de critérios mais adequados de casualização de variâncias tem reduzido as flutuações nos estimadores dos valores genéticos.

De acordo com DE NISE e TORABI (1989), em gado de corte, as estimativas dos parâmetros genéticos das características de crescimento mudam em resposta ao estresse ambiental aos quais os animais são submetidos. A alteração não é a mesma nos animais de diferentes sexos. GARRICK et al. (1989) também afirmaram que ocorre manifestação de heterogeneidade de variâncias, de forma diferenciada, entre os sexos.

Por sua vez, FOULLEY et al. (1990) argumentaram que, nas avaliações genéticas com gado de leite, as variâncias residuais são afetadas pelo rebanho, pelo tamanho do rebanho, pelo tratamento hormonal, pela incidência de doenças e também pelas diferenças genéticas entre os reprodutores utilizados. A heterogeneidade de variância intra-reprodutores pode ser causada, entre outras coisas, por consangüinidade, tratamento preferencial ou presença de genes de efeito maior. Ao justificarem suas afirmações, esses autores atribuíram ao alto nível de homozigose a menor variação esperada na progênie de um reprodutor consangüíneo. Afirmaram, ainda, que o tratamento preferencial dado às progênies de determinados reprodutores não afeta somente a média, mas também a variância dentro de grupos de touros.

A preocupação com o tratamento preferencial dado a determinados reprodutores não é recente. DICKERSON (1962) alertou que podem existir problemas ao trabalhar com dados coletados no campo, já que pelo menos parte do efeito da interação reprodutor-rebanho se deve à heterogeneidade de variância do resíduo ou à genética aditiva dentro de cada rebanho, cujas principais causas são os acasalamentos e os tratamentos preferenciais dados a determinados reprodutores, além do número reduzido de reprodutores no rebanho.

A inclusão da interação reprodutor-rebanho no modelo estatístico, na forma de correlação ambiental, foi proposta por NORMAN (1974) como alternativa para limitar o efeito do tratamento preferencial entre rebanhos. No entanto, para esse autor, a heterogeneidade de variância pode ser responsável por parte do componente de variância atribuído à interação.

Com respeito ao tratamento preferencial, SCHAEFFER (1991) declarou que uma consequência natural dos altos preços do sêmen e de embriões de animais superiores geneticamente é que os filhos, em geral, são mantidos em ambiente mais favorável do que as progênes de animais que estão na média ou abaixo desta. Identificado o problema, uma alternativa seria eliminar o registro do banco de dados.

Entretanto, em virtude da importância do tratamento preferencial nas avaliações genéticas, muitas propostas têm sido apresentadas para reduzir essa influência. FOULLEY et al. (1990) apresentaram um método estatístico, visto como uma generalização do teste de Bartlett, que pode ser usado para identificar fontes de heterogeneidade de variâncias e que é aplicável a metodologias de modelos lineares mistos. Segundo esses autores, além da identificação de tratamento preferencial das filhas dos reprodutores, o método propõe-se também a investigar a segregação de genes de efeito maior.

CANAVESI et al. (1995a), ao avaliarem, sob condições de variâncias heterogêneas entre rebanhos, a importância da presença de interação reprodutor-rebanho nos modelos de análises com gado de leite, constataram que a acurácia das estimativas dos valores genéticos é afetada pela presença dessa interação, resultando em valor subestimado das acurácias das estimativas dos valores genéticos. No entanto, em outra publicação, na mesma linha de pesquisa, CANAVESI et al. (1995b) verificaram que o uso da interação reprodutor-rebanho não se mostrou efetivo como forma de ajustar a heterogeneidade de variâncias.

Segundo VAN DER WERF et al. (1994), também tem sido constatado que o aumento da produção, com o passar dos anos, está associado a um acréscimo no desvio-padrão fenotípico nas características de produção, o que, conseqüentemente, leva à presença de variâncias heterogêneas, entre anos. Para esses autores, mesmo quando são realizadas análises com correção para presença de variâncias heterogêneas, outras fontes de viés ainda podem permanecer, mais especificamente o efeito do tratamento preferencial aplicado às mães de touros.

### 2.3.2. Procedimentos propostos para análises com variâncias heterogêneas

A obtenção dos preditores dos valores genéticos dos animais com propriedades BLUP não requer, obrigatoriamente, homogeneidade de variâncias e covariâncias para efeitos fixos e aleatórios, desde que sejam conhecidos os valores verdadeiros dos componentes de variâncias e covariâncias a serem utilizados nas avaliações genéticas (GIANOLA, 1986). Uma demonstração dessa afirmação foi apresentada por HENDERSON e QUAAS (1976), por meio de um exemplo numérico com estrutura de covariância heterogênea entre as características.

Tendo em vista que os preditores dos valores genéticos dos indivíduos submetidos à seleção variam de acordo com os conhecimentos disponíveis acerca das populações a que pertencem (MARTINS et al., 1997) e que, geralmente, não são conhecidos os parâmetros das distribuições dessas populações, o que tem sido feito é estimá-los a partir dos próprios dados. Porém, sob condições de variâncias heterogêneas, segundo afirmações de WEIGEL e GIANOLA (1993), torna-se mais raro ainda o conhecimento desses parâmetros.

É fato conhecido, no entanto, que as avaliações genéticas, em nível nacional, geralmente são realizadas em condições que diferem em variâncias genética e ambiental e que esse fato afeta a seleção de animais entre rebanhos, como ilustrado por HILL (1984). Ao admitir a normalidade na distribuição dos dados, esse autor mostrou que a proporção de indivíduos escolhidos nos ambientes testados é afetada pelas diferenças de variâncias entre tais ambientes e também pela intensidade de seleção aplicada.

Muitas propostas alternativas de análises que consideram a presença de variâncias heterogêneas têm sido apresentadas, dentre as quais as de HENDERSON (1984), HILL (1984), GIANOLA (1986), VAN VLEK (1987), FOULLEY et al. (1990), WIGGANS e VAN RADEN (1991), WEIGEL e GIANOLA, (1992) e VISSCHER e HILL (1992).

Um dos primeiros procedimentos apresentados com o objetivo de considerar a heterocedasticidade presente nos dados foi o agrupamento de

registros em subclasses, de acordo com a média de produção ou com as variâncias fenotípicas dos rebanhos, com posterior estimação, por análises de características múltiplas, dos parâmetros genéticos nos grupos formados (HENDERSON, 1984; GIANOLA, 1986). O princípio básico fundamenta-se nos conceitos de FALCONER (1952), que propôs que a utilização da expressão de um genótipo em diferentes ambientes (por exemplo, níveis de produção) fosse considerada característica distinta.

Em várias pesquisas posteriores, investigou-se a redução na resposta à seleção, analisando as variâncias heterogêneas pela divisão dos dados em subclasses. Dentre os trabalhos destacam-se os de GARRICK e VAN VLECK (1987), DE VEER e VAN VLECK (1987), WINKELMAN e SCHAEFFER (1988) e MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993), que agruparam os registros por nível de produção ou por variâncias dos rebanhos e estimaram as variâncias e covariâncias por REML.

GARRICK e VAN VLECK (1987), mediante simulação determinística e uso de dois conjuntos de parâmetros, investigaram as perdas em resposta à seleção, atribuídas a variâncias heterogêneas entre três ambientes, que são caracterizados pelas médias de produção dos grupos de rebanhos. As respostas foram comparadas àquelas obtidas de um modelo de características múltiplas considerado verdadeiro. Concluíram, em relação ao ganho genético, que, na prática, os esquemas de testes de progênie são eficientes às violações das pressuposições com relação à heterogeneidade de variâncias entre ambientes.

Segundo VAN VLECK (1987), se as variâncias genéticas e residuais e as covariâncias fossem conhecidas em cada rebanho ou no ambiente representado por um conjunto de rebanhos, então a seleção, com base nos resultados obtidos das análises de características múltiplas em modelos mistos, produziria uma avaliação de qualidade que poderia ser usada para selecionar otimamente touros ou vacas para produzirem em rebanhos ou em ambientes específicos.

Para GIANOLA et al. (1992), entretanto, em muitas análises com heterogeneidade de variâncias, é relevante levar em consideração que vários métodos preferidos na estimação dos componentes de variâncias incluem máxima verossimilhança e REML e que, na maioria dos casos, pode não ser

possível a estimação de tais componentes, com qualidade, nos rebanhos, ou mesmo no conjunto de rebanhos, pois o algoritmo pode falhar na convergência, dado o tamanho limitado do conjunto de dados e dado o grande número de parâmetros a serem estimados. Por razões computacionais e, ou, por perda de acurácia nos parâmetros estimados, os modelos geralmente são ajustados com tão poucos parâmetros quanto possíveis (VISSCHER e HILL, 1992).

Um indício dessa limitação é a quantidade relativamente pequena de trabalhos em que são usados rebanhos individuais para estudar os efeitos da heterogeneidade de variâncias. VAN VLECK e DONG (1988) e VISSCHER et al. (1991) usaram REML e modelo animal para estimar variâncias genéticas e ambiental em rebanhos individuais. Mediante teste da razão de verossimilhança, VISSCHER et al. (1991) concluíram que o poder de detectar diferenças em herdabilidade entre rebanhos pode ser baixo, pois os erros-padrão das estimativas foram grandes em relação aos das variâncias fenotípicas.

HENDERSON (1984), HILL (1984) e GARRICK e VAN VLECK (1987) sugeriram que componentes de variâncias em rebanhos individuais deveriam ser 'regredidos' em relação às estimativas entre rebanhos. Segundo WEIGEL e GIANOLA (1992), tal fato equivaleria ao uso de procedimentos bayesianos.

VISSCHER e HILL (1992) afirmaram que as variâncias fenotípicas de rebanhos individuais estimadas devem ser regredidas por um fator que seja função do número de registros por rebanho e que seja estimado *a priori*. Afirmaram, também, que parece improvável, entretanto, que as herdabilidades estimadas para rebanhos individuais estejam disponíveis para o uso em ajuste de heterogeneidade, razão por que é sugerido que as herdabilidades de rebanhos individuais sejam admitidas como homogêneas.

WEIGEL e GIANOLA (1993) foram enfáticos ao afirmar que, apesar da suposta superioridade dos métodos que envolvem a estimação de componentes de variâncias na detecção de diferenças de herdabilidades entre subclasses, algumas limitações de natureza prática, como fugir de procedimentos com grande demanda computacional, como se observa em análises que envolvem grandes conjuntos de dados, têm aumentado a preferência por métodos mais simples,

como os baseados em variâncias fenotípicas apresentados por HILL (1984), BROTHERSTONE e HILL (1986) e WIGGANS e VAN RADEN (1991), os quais são, às vezes, referidos como uma ‘abordagem bayesiana’, apesar de lhes faltar, entretanto, um suporte teórico forte.

### **2.3.3. Resultados de estudos sobre heterogeneidade de variâncias nas avaliações genéticas**

Em gado de corte da raça Nelore, FREITAS (2000) constatou presença de heterogeneidade de variâncias para os efeitos fixos de sexo, ano e época de nascimento, idade da vaca no parto, geração do animal e efeito aleatório de touros. Segundo esse autor, esse comportamento inviabiliza o uso de métodos de análise de variância tradicionais para estimar parâmetros genéticos no conjunto de dados analisados.

Realizaram-se vários estudos sobre heterogeneidade de variâncias com dados de campo. Segundo VISSCHER e HILL (1992), no entanto, a maioria dessas pesquisas tem sido realizada com diferentes populações de gado de leite, diferentes métodos de estimação de componentes de variâncias e diferentes pressuposições acerca da heterogeneidade de variâncias entre rebanhos.

O enfoque que prevalece nessas pesquisas tem destacado evidências da heterogeneidade de variâncias genética, residual, de ambiente permanente e fenotípica, com relação à região geográfica, ao nível de produção, rebanho e outros fatores. Dentre esses estudos, destacam-se os de HILL et al. (1983), MIRANDE e VAN VLECK (1985), VAN VLECK et al. (1985), BROTHERSTONE e HILL (1986), VAN VLECK (1987), MEINERT et al. (1988), BOLDMAN e FREEMAN (1990) e SHORT et al. (1990).

Vários pesquisadores, no entanto, têm afirmado que a presença de variâncias heterogêneas influencia, negativamente, as acurácias dos valores genéticos. Por outro lado, VISSCHER e HILL (1992) evidenciaram que em análises com modelo animal, em que diferentes tipos de parentes contribuem para

a predição do valor genético, não é tão óbvia a perda em acurácia, se a heterogeneidade de variâncias for ignorada.

Com raras exceções, as herdabilidades geralmente têm mostrado valores mais elevados nos rebanhos de maior produção do que nos de baixa produção (HILL et al., 1983; POWELL et al., 1983; LOFGREN et al., 1985; MIRANDE e VAN VLECK, 1985; VAN VLECK et al., 1985; DE VEER e VAN VLECK, 1987; DONG e MAO, 1990).

Segundo VINSON (1987), o reconhecimento inicial de diferenças em herdabilidade, de acordo com a média de produção do rebanho, indica também o envolvimento de efeitos genéticos na heterogeneidade de variâncias entre rebanhos. Alta herdabilidade em rebanhos com alta média de produção, freqüentemente, tem sido explicada como resultado do melhor ambiente, possibilitando a ‘melhor expressão do verdadeiro potencial genético’.

VAN VLECK (1987) ilustrou, com exemplos, a importância de se considerarem as diferenças em herdabilidade, bem como de desvio-padrão residual, nos esquemas das estratégias de avaliação e seleção para maximizar as respostas a diferentes ambientes. Para esse autor, as diferenças em herdabilidades foram mais importantes do que as observadas na variação residual.

De acordo com MEINERT et al. (1988), as características com menor herdabilidade, possivelmente por apresentarem maior porcentagem de variância ambiental, são, conseqüentemente, mais afetadas por práticas de manejo e sofrem maior interferência da heterogeneidade de variâncias. Segundo esses autores, as diferenças genéticas no rebanho, dentro de ano, contribuíram, apenas moderadamente, para a heterogeneidade dos desvios-padrão.

VAN DER WERF et al. (1994) afirmaram que a heterogeneidade de variância pode explicar o viés do valor genético (EBV) de mães de touros, pois elas são selecionadas em rebanhos que são mais variáveis, razão pela qual têm maior desvio da média. As filhas terão seus descendentes testados sob média de rebanhos, para a qual os desvios são menores. Assim, a avaliação dos touros poderá ser inferior à esperada com base no valor genético dos descendentes.

Segundo VISSCHER e HILL (1992), resultados teóricos têm sido derivados para seleção massal e seleção de reprodutor, mediante teste de

progênie. Em somente casos-padrão, seleção de mães de touros, por exemplo, é que a heterogeneidade de variâncias reduz, substancialmente, as acurácias.

Maior proporção de vacas-elite, selecionadas nos rebanhos de maior variância, foi constatada por EVERETT et al. (1982) e POWELL et al. (1983), e tem sido verificado que, em gado de leite, os animais provenientes de rebanhos mais variáveis podem ter seus valores genéticos superestimados (DONG e MAO, 1990). Em revisão sobre esse assunto, VINSON (1987) discutiu possíveis ajustamentos nas diferenças de variâncias dentro de rebanhos e declarou que, se essas diferenças entre rebanhos leiteiros fossem ignoradas, as vacas de alta produção, em rebanhos mais variáveis, seriam favorecidas. Para esse autor, o impacto é mais importante na seleção de mães de touros, particularmente porque o viés poderá se acumular com o tempo. Conseqüentemente, a seleção de mães de touros poderá ser realizada com base em valores genéticos de menor acurácia.

No entanto, na literatura, há predominância de resultados em que a taxa de ganho genético decresce apenas marginalmente, quando a heterogeneidade de variâncias é ignorada (GARRICK e VAN VLECK, 1987; MEINERT et al., 1988; BOLDMAN e FREEMAN, 1990; MEUWISSEN e VAN DER WERF, 1993). Para esses autores, a utilização de ajuste nas variâncias heterogêneas tem melhorado apenas moderadamente a ordem de classificação dos animais, enquanto para WINKELMAN e SCHAEFFER (1988), SULLIVAN e SCHAEFFER (1989), nenhuma melhoria tem ocorrido.

Em revisão sobre esse tema, TORRES (1998) relatou que a extensão do problema, em gado de leite, depende da origem da heterogeneidade; se esta fosse causada por fatores ambientais, a avaliação genética poderia refletir mais o ambiente do que o potencial genético do animal. Por outro lado, não existiria problema se a heterogeneidade fosse de causa genética.

#### **2.3.4. Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo-ambiente**

Em um programa de melhoramento genético animal, um dos objetivos mais importantes é desenvolver e identificar genótipos que apresentem desempenho consistente economicamente, nos ambientes escolhidos para criação. Considerando a possibilidade de ocorrência de interação genótipo-ambiente, o importante é saber se as decisões tomadas sobre os melhores genótipos, em determinado ambiente, serão válidas em outras condições ambientes (REIS e LÔBO, 1991).

Segundo TORRES (1998), a preocupação com a existência de heterogeneidade de variâncias em relação ao ambiente não é nova em avaliações genéticas, visto que, antes da década de 50, já havia sido enfocada em trabalhos de Lush, Hammond e Falconer, assim como a discussão do tema relacionado com o ambiente no qual a seleção deve ser feita. Basicamente, o questionamento é sobre se é mais adequado selecionar no ambiente em que o animal será criado, ou no ambiente de maior qualidade, o qual permita expressar todo o potencial dos animais.

As pesquisas têm revelado que, na seleção dos melhores animais num ambiente de alta qualidade de manejo, há tendência de selecionar genótipos com elevado valor de resposta. Em contraste, na seleção dos melhores, em um ambiente de baixa qualidade, há tendência de selecionar, em geral, genótipos com baixa capacidade de resposta à melhoria de ambiente. Com base nessa informação, ressalta-se a tendência de as respostas dos animais se associarem, negativamente, às médias fenotípicas nos ambientes de baixa qualidade e, positivamente, às médias nos ambientes de alta qualidade. Nos ambientes de qualidade intermediária, não há nenhuma tendência definida de associação entre a média fenotípica e a resposta dos animais. Desses resultados conclui-se que o ambiente de seleção condiciona os resultados do processo (REIS e LÔBO, 1991).

Muitos estudos visaram determinar se um genótipo superior, num ambiente, tem valor relativo diferente, em outro. Em muitos desses estudos, o método de detecção da presença de interação genótipo-ambiente foi o mais simples, que é o da comparação das ordens de classificação dos genótipos, em cada ambiente. Por exemplo, BERESKIN e LUSH (1965) indicaram que

resultados da avaliação de reprodutores em testes de progênie, em condições de rebanhos de alto nível de produção, podem não estar de acordo com o desempenho das progênies, em rebanhos de baixa produção.

STANTON et al. (1991) apresentaram duas situações nas quais as diferenças nas respostas à seleção seriam verificadas em ambientes diferentes, caracterizando a interação genótipo-ambiente. A primeira situação seria atribuída a casos em que bases genéticas diferentes estariam atuando em diferentes ambientes. Nesse caso, a correlação genética entre a expressão fenotípica, nos dois ambientes, seria substancialmente menor que um. Outra situação que caracteriza a interação genótipo-ambiente seria o resultado da heterogeneidade de variância, como no caso das avaliações de características simples, em que os reprodutores teriam a mesma classificação em cada ambiente, mas as diferenças na resposta à seleção das filhas e nos valores genéticos dos touros seriam menores no ambiente com menor variabilidade.

Segundo afirmações de DE VEER e VAN VLECK (1987), o padrão de herdabilidade, em análises com estratificação dos registros de produção, com base nas médias de produção ou nas variâncias dos rebanhos, já está bem estabelecido na literatura. Os valores das correlações genéticas, obtidas nessas análises, fornecem importantes informações acerca da interação genótipo-ambiente e poderão ser utilizados na quantificação da perda de informação, ao serem usados nas avaliações os registros obtidos em ambiente diferente daquele no qual as progênies apresentarão suas produções.

Segundo VISSCHER e HILL (1992), há pequeno número de pesquisas que quantificam a correlação genética entre grupos de rebanhos, em que a correlação menor que a unidade, entre tais grupos, caracterizaria um cenário com interação genótipo-ambiente. Dentre esses trabalhos, citam-se os de HILL et al. (1983), DONG e MAO (1990), CARABAÑO et al. (1990), cujas estimativas de correlações consideradas não diferiram da unidade. GARRICK e VAN VLECK (1987) admitiram que os valores das correlações entre os desempenhos dos animais, nos ambientes, eram iguais à unidade, embora as correlações genéticas simuladas tenham variado de 0,86 a 0,97. No entanto, segundo CREWS e

FRANKE (1998), valores de correlações inferiores a 0,90 podem resultar em reordenamento significativo dos animais, em avaliações genéticas.

Segundo HENDERSON (1984), em situações de correlações genéticas unitárias ou próximas de um, com variâncias genéticas aditivas e residuais que variam sem proporcionalidade entre os ambientes, tal que as estimativas de herdabilidade sejam variáveis com o ambiente, pode existir pequena interação genótipo-ambiente.

VAN VLECK (1987) apresentou um procedimento de análise para determinar as frações de mães de touros a serem selecionadas em dois ambientes que diferem em variâncias e herdabilidades e que seja máxima a resposta à seleção em ambos os ambientes. Espera-se que, se os genótipos selecionados expressarem-se aleatoriamente em ambos os ambientes, as respostas relativas aos ambientes sejam as médias ponderadas das respostas direta e resposta correlacionada das frações selecionadas nesses ambientes, ou seja, a proporção de animais selecionados num ambiente determina o fator de intensidade de seleção para sua resposta direta e correlacionada, bem como as respostas no outro ambiente. A herdabilidade usada na avaliação também interfere na fração selecionada em cada ambiente.

VAN VLECK (1987) alegou que, por causa da grande diversidade de ambientes nos quais se criam gados de leite, estes não podem ser separados em apenas dois. No entanto, considerou que o exemplo proposto ilustra bem a importância das diferenças em herdabilidades e de desvio-padrão residual para as estratégias de seleção, em diferentes ambientes. Afirmou, também, que a diferença de herdabilidade é mais importante que o desvio-padrão.

MASCIOLI et al. (2000a), ao estudarem a interação genótipo-ambiente em um rebanho da raça Canchim, por máxima verossimilhança restrita, estimaram parâmetros genéticos dos pesos e ganhos de peso, considerados, cada um, como características diferentes em duas estações de nascimento. Com base nos valores das correlações entre cada característica nas estações de nascimento, esses autores concluíram que existiam evidências de interação genótipo-ambiente com relação às épocas de parto. Apresentaram também conclusões similares quando usaram o teste da razão de verossimilhança para avaliar os efeitos da

inclusão nos modelos, como efeito aleatório não-correlacionado da interação touro-época de nascimento.

MASCIOLI et al. (2000b) encontraram valores de herdabilidades semelhantes aos obtidos por máxima verossimilhança restrita - MTDFREML (MASCIOLI et al., 2000a), quando utilizaram análise bayesiana (MTGSAM), entretanto, os valores das correlações foram inferiores, na segunda metodologia. Com base nos valores das correlações e nas variações entre os componentes de variâncias nas duas épocas de nascimento, esses autores também concluíram que houve interação genótipo-ambiente, razão por que recomendaram que a seleção deva ser feita dentro da época de nascimento.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Origem e edição dos dados**

Os dados analisados são procedentes do Controle de Desenvolvimento Ponderal dos rebanhos de bovinos Tabapuã, os quais compõem o Arquivo de Escrituração Zootécnica Nacional da raça, pertencente à Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). O gerenciamento dos dados é feito pela EMBRAPA - Gado de Corte, em convênio com o Ministério da Agricultura.

Os modelos utilizados nas análises de característica única ou múltiplas, de duas e três características, consideraram como efeitos fixos os grupos de contemporâneos, a idade da vaca como covariável (efeitos linear e quadrático) e os efeitos aleatórios de animal, materno e de erro.

Em arquivo original com 45.558 registros de pesos de animais, filhos de touros e de vacas com idades conhecidas (vacas com idade até 22 anos), nascidos nos anos de 1975 a 1998 e criados exclusivamente no pasto, considerou-se como característica-âncora para a edição dos dados o peso corrigido aos 120 dias de idade. Como características avaliadas, utilizaram-se os pesos padronizados às

idades de referência, ou seja, para a pré-desmama, desmama e pós-desmama os pesos foram corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, respectivamente.

O peso aos 120 dias tem sido recomendado, visto que nesta idade o alimento da cria não é apenas o leite produzido pela mãe. Os pesos aos 240 e 420 dias representam, respectivamente, a idade na qual a desmama é realizada e a idade que pode ser considerada como indicadora de precocidade de crescimento.

Foram utilizados os mesmos grupos de contemporâneos formados para a avaliação genética realizada pela EMBRAPA - Gado de Corte, divulgada no Sumário de Touros da Raça Tabapuã, no ano de 2000. Nos grupos de contemporâneos, foram considerados os efeitos fixos de sexo, de rebanho e do ano e da estação de nascimento dos animais. Os meses de nascimento dos animais foram agrupados em épocas 1 e 2, que correspondem aos meses de menor e maior incidência de chuvas (de abril a setembro e de outubro a março), respectivamente.

Nas análises utilizou-se o modelo animal, considerando as características simples e múltiplas. As estimativas de componentes de covariâncias e as predições dos valores genéticos foram obtidas pelo uso do programa MTDFREML (*Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*), BOLDMAN et al. (1995). Adotou-se como critério de convergência a variância dos valores da função  $-2 \log \lambda$ , do 'simplex', como sendo menor que  $10^9$ .

As herdabilidades dos efeitos genéticos totais ( $h^2_T$ ) dos pesos corrigidos, nas análises em que os efeitos maternos foram incluídos no modelo, foram estimadas pela fórmula de WILLHAM (1972):

$$h^2_T = (\sigma^2_a + 0,5 \sigma^2_m + 1,5 \sigma_{am}) / \sigma^2_P,$$

em que  $\sigma^2_P$  é a variância fenotípica da característica em avaliação, dada por

$$\sigma^2_P = \sigma^2_a + \sigma^2_m + \sigma_{am} + \sigma^2_e.$$

### **3.2. Formação das classes de desvios-padrão fenotípicos**

No arquivo original, no qual constam 45.558 registros de pesos de animais, utilizou-se o desvio-padrão fenotípico dos grupos de contemporâneos e

do peso corrigido aos 120 dias de idade, como critério para estratificar os dados em três classes distintas. A classe de baixo desvio-padrão fenotípico correspondeu aos dados cujos desvios-padrão dos grupos de contemporâneos foram menores que 14,9 kg. Na classe de médio desvio-padrão fenotípico, esse valor foi maior ou igual a 14,9 kg e menor que 18,3 kg e, na classe de alto desvio-padrão fenotípico, maior ou igual a 18,3kg. Após formadas as classes, foram impostas as seguintes restrições aos dados: o grupo de contemporâneo deveria apresentar, no mínimo, seis registros e cada pai deveria apresentar, no mínimo, três filhos em pelo menos duas das três classes de desvio-padrão. O número de registros, de grupos de contemporâneos e de reprodutores, no arquivo total e no de cada classe de desvio-padrão, é apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Número de registros, de grupos de contemporâneos e de reprodutores, para pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, obtido após utilização das restrições nos dados originais na formação das classes de desvio-padrão fenotípico

	Pesos corrigidos para idade-padrão		
	120 dias	240 dias	420 dias
Sem classes de desvio-padrão			
Registros	35.478	34.303	26.892
Grupos de contemporâneos	763	751	704
Reprodutores	478	478	476
Classe de baixo desvio-padrão			
Registros	11.825	11.650	9.147
Grupos de contemporâneos	249	245	228
Reprodutores	394	394	387
Classe de médio desvio-padrão			
Registros	11.603	11.201	8.766
Grupos de contemporâneos	194	193	181
Reprodutores	421	421	407
Classe de alto desvio-padrão			
Registros	12.050	11.452	8.979
Grupos de contemporâneos	320	313	295
Reprodutores	369	368	365

Ao se admitir que o reprodutor apresente filhos em, pelo menos, duas das três classes, objetiva-se contornar as limitações de tamanho no conjunto de dados, especificamente para peso corrigido aos 420 dias. Evita-se, também, eliminar das análises aqueles reprodutores cujo sêmen tem preço elevado, que, possivelmente, é de uso restrito a rebanhos-elite, bem como aqueles reprodutores que, mesmo com razoável número de progênes, tenham sido utilizados apenas nos rebanhos com menor qualidade de manejo.

A matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM), utilizada em todas as análises, foi obtida do arquivo com pedigree de 46.296 animais diferentes, 312 dos quais eram endogâmicos, o que levou a um coeficiente médio de endogamia de 0,11%.

### 3.3. Efeitos maternos

Testou-se a inclusão de efeitos maternos nos modelos utilizados nas análises de característica única e em análises de características múltiplas, com pesos em diferentes idades dos animais. Entretanto, nas análises múltiplas com três características, sendo o mesmo peso considerado como característica distinta quando presente nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, não foram constatadas convergências no valor mínimo da variância do simplex preestabelecido, quando os efeitos maternos estavam presentes no modelo.

O valor da razão de verossimilhança entre os modelos com e sem efeito materno foi adotado para caracterizar a significância, ou não, desse efeito. A estatística do teste da razão de verossimilhança ( $RL_{ij}$ ) para modelos seqüencialmente reduzidos (RAO, 1973), considerando o modelo 'i', com inclusão do efeito materno, como sendo completo, e o modelo 'j', sem esse efeito, como reduzido, foi obtida pela expressão

$$RL_{ij} = -2 \log_e \left( \frac{L_j}{L_i} \right) = 2 \log_e L_i - 2 \log_e L_j,$$

em que

$L_i$  = máximo da verossimilhança para o modelo com efeito materno; e

$L_j$  = máximo da verossimilhança para o modelo sem efeito materno.

Comparou-se a estatística  $RL_{ij}$  com os valores da distribuição de qui-quadrado ( $\chi^2$  tabelado), a um grau de liberdade.

Adicionalmente, para obter mais uma informação sobre a importância dos efeitos maternos na avaliação genética, foram calculadas as correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos touros, estimados a partir de componentes de variâncias obtidos de análises, nas quais os efeitos maternos estavam presentes e ausentes nos modelos, respectivamente.

As análises de característica única foram também usadas para fornecer os valores iniciais de variâncias e covariâncias para as análises de características múltiplas, enquanto os valores das variâncias iniciais, utilizados nas análises de característica única, foram obtidos da literatura. Os valores das covariâncias dos efeitos diretos de características diferentes e do efeito direto materno na mesma característica foram obtidos de estimativas de correlações genéticas encontradas também na literatura.

### **3.4. Utilização de funções de transformação nos dados**

Após definidas as classes de desvio-padrão fenotípico, fez-se a investigação da presença de heterogeneidade de variâncias genética e residual no conjunto de dados analisados, recorrendo-se ao uso de transformações. Dentro de cada classe, os pesos corrigidos para as idades-padrão foram transformados, utilizando as seguintes funções:

- 1) *transformação logarítmica (logaritmo na base 10);*
- 2) *valor do peso na idade-padrão/desvio-padrão fenotípico do peso na classe.*

Para verificar se o uso das transformações promoveu a homogeneização das variâncias genética e residual, utilizou-se, como critério, a comparação do comportamento das variâncias obtidas dos pesos em escala original e nas escalas transformadas.

### 3.5. Correlações entre os valores genéticos dos reprodutores

Diante da constatação de ineficácia das transformações para resolver o problema de variâncias heterogêneas, recorreu-se ao uso de análise de características múltiplas, em que o peso nas classes de desvio-padrão fenotípico foi considerado como característica distinta.

Foram preditos os valores genéticos dos reprodutores com componentes de variâncias obtidos de análises de característica única geral, desconsiderando a possível manifestação de variâncias heterogêneas, e também com componentes obtidos de análises de característica única dentro de cada classe de desvio-padrão formada. Em ambas as análises foram utilizados modelos com efeitos maternos presentes e ausentes. Foram também preditos os valores genéticos dos reprodutores com componentes de variâncias obtidos de análises conjuntas com três características, em que o peso, nas diferentes classes de desvio-padrão, foi considerado como característica diferente.

Foram calculadas as correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores presentes, simultaneamente, no arquivo usado nas análises de característica única geral e nos arquivos das análises com o mesmo peso em cada classe de desvio-padrão.

Admitiu-se que as classes de desvio-padrão fenotípico formadas representassem, dentro de certos limites, cenários diferenciados de manejo e discutiu-se a presença de interação genótipo-ambiente, com base nos valores das correlações, das variâncias genéticas, residuais e também das herdabilidades, obtidos das análises de características múltiplas, sendo o mesmo peso considerado como característica diferente em cada classe.

A verificação da influência de variâncias heterogêneas na classificação dos reprodutores, feita com base nos valores genéticos, foi obtida pelo cálculo do percentual de touros presentes entre os 10% melhores animais, quando ordenados tanto por valores genéticos preditos em análises sem classes de desvio-padrão fenotípico como também nas análises de características múltiplas.

### 3.6. Modelos estatísticos

Utilizando dois modelos com e sem efeitos maternos, foram realizadas análises de característica única com dados dos pesos nos arquivos de cada classe e também em arquivos que desconsideraram a formação das classes de desvio-padrão fenotípico. Os modelos foram empregados também nas análises múltiplas com duas características, envolvendo, porém, pesos em diferentes idades.

As observações de cada peso corrigido para as idades-padrão foram descritas pelo modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + a_i + m_j + h_k + b_1(w_{ijk} - \bar{w}) + b_2(w_{ijk} - \bar{w})^2 + e_{ijk}, \quad (3.1)$$

em que

$Y_{ijk}$  = peso corrigido para a idade-padrão;

$\mu$  = constante associada a cada observação;

$a_i$  = efeito aleatório associado ao valor genético aditivo direto do  $i$ -ésimo animal, com média zero e variância  $\sigma_a^2$ ;

$m_j$  = efeito aleatório associado ao valor genético aditivo materno da  $j$ -ésima mãe, com média zero e variância  $\sigma_m^2$ ;

$h_k$  = efeito fixo do  $k$ -ésimo grupo de contemporâneo;

$b_1$  e  $b_2$  = coeficientes de regressão linear e quadrático do peso do animal em função da idade da mãe no parto, respectivamente;

$w_{ijk}$  = idade, no parto, da mãe do  $ijk$ -ésimo animal;

$\bar{w}$  = média da idade das mães, no parto; e

$e_{ijk}$  = efeito aleatório residual associado à observação do animal  $i$ , no grupo de contemporâneo  $k$ , com média zero e variância  $\sigma_e^2$ .

Nas análises sem efeito materno, o modelo utilizado diferiu apenas pela ausência desse componente.

### 3.6.1. Análises de característica única

Em notação matricial, o modelo para as análises dos pesos em cada classe de desvio-padrão fenotípico e para as análises de característica única geral que desconsideram as diferenças de variâncias entre as classes de desvio-padrão fenotípico, na estimação dos componentes de variâncias e predição dos valores genéticos dos animais, é

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{\beta} + Z \underset{\sim}{a} + W \underset{\sim}{m} + \underset{\sim}{e}, \quad (3.2)$$

em que

$\underset{\sim}{y}$  = vetor,  $n \times 1$ , dos pesos corrigidos para as idades-padrão;

$X$  = matriz,  $n \times f$ , de incidência de  $f$  níveis dos efeitos fixos;

$\underset{\sim}{\beta}$  = vetor,  $f \times 1$ , de efeitos fixos referentes a grupos de contemporâneos e da covariável idade da vaca no parto;

$Z$  e  $W$  = matrizes,  $n \times n$ , de incidência dos valores genéticos, direto e materno, respectivamente;

$\underset{\sim}{a}$  = vetor,  $n \times 1$ , de efeitos aleatórios genéticos diretos dos animais;

$\underset{\sim}{m}$  = vetor,  $n \times 1$ , de efeitos aleatórios genéticos maternos; e

$\underset{\sim}{e}$  = vetor de resíduos com as mesmas dimensões de  $\underset{\sim}{y}$ ,

sendo

$n$  - número de indivíduos com registros; e

$f$  = número de classes de efeitos fixos.

As pressuposições acerca da distribuição dos vetores  $\underset{\sim}{y}$ ,  $\underset{\sim}{a}$ ,  $\underset{\sim}{m}$  e  $\underset{\sim}{e}$  são descritas como

$$\begin{bmatrix} \underset{\sim}{y} \\ \underset{\sim}{a} \\ \underset{\sim}{m} \\ \underset{\sim}{e} \end{bmatrix} \sim \begin{bmatrix} X\underset{\sim}{\beta} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \left[ \begin{array}{cccc} ZGZ' + WGW' + R & ZG & WM & R \\ & GZ' & G & C \\ & MW' & C' & M \\ & R & \phi & \phi & R \end{array} \right]$$

em que

$$G = A\sigma_a^2;$$

$$M = A\sigma_m^2;$$

$$C = A\sigma_{am}; \text{ e}$$

$$R = I_N\sigma_e^2,$$

sendo

A = matriz de numerador do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número de indivíduos (n);

$I_N$  = matriz-identidade, de ordem n;

$\sigma_a^2$  = variância genética aditiva dos pesos corrigidos para as idades-padrão;

$\sigma_m^2$  = variância genética aditiva materna dos pesos corrigidos para as idades-padrão;

$\sigma_{am}$  = covariância aditiva entre efeitos diretos e maternos; e

$\sigma_e^2$  = variância residual dos pesos corrigidos para as idades-padrão.

As análises sem inclusão do efeito materno no modelo diferiram destas apenas pela ausência dos componentes desse efeito no modelo.

As equações do modelo misto com efeitos maternos são descritas da seguinte forma:

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

em que

$$\alpha_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}, \quad \alpha_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_m^2} \quad \text{e} \quad \alpha_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{am}}.$$

### 3.6.2 Análises de características múltiplas

Em notação matricial, o modelo para as análises conjuntas que consideram o mesmo peso em cada classe de desvio-padrão fenotípico como características diferentes e que também objetivam a obtenção de componentes de variâncias e predição dos valores genéticos dos animais é semelhante ao modelo 3.2, sem os efeitos maternos. Consideram-se distribuição multivariada e diversidade entre fontes de heterogeneidade de variâncias residual e genética, das quais se obtém

$$\tilde{y}_i = \begin{bmatrix} y_1 \\ \tilde{y}_2 \\ y_3 \\ \tilde{\quad} \end{bmatrix}, \quad X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix}, \quad \tilde{\beta}_i = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \tilde{\beta}_2 \\ \beta_3 \\ \tilde{\quad} \end{bmatrix}$$

$$Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix}, \quad \tilde{a}_i = \begin{bmatrix} a_1 \\ \tilde{a}_2 \\ a_3 \\ \tilde{\quad} \end{bmatrix}, \quad \tilde{e}_i = \begin{bmatrix} e_1 \\ \tilde{e}_2 \\ e_3 \\ \tilde{\quad} \end{bmatrix},$$

em que

$y_1$  = peso corrigido, analisado na classe de baixo desvio-padrão fenotípico;

$y_2$  = peso corrigido, analisado na classe de médio desvio -padrão fenotípico; e

$y_3$  = peso corrigido, analisado na classe de alto desvio -padrão fenotípico.

Matricialmente, o modelo estatístico é o seguinte:

$$\tilde{y}_i = X\tilde{\beta}_i + Za_i + e_i, \quad (3.3)$$

em que

$\tilde{y}_i$  = vetor,  $n_i \times 1$ , dos  $n$  valores do peso corrigido para as idades-padrão, nas

classes de desvio-padrão  $i$ , em que  $i$  = baixo, médio e alto desvios-padrão;

$X$  = matriz,  $n_i \times f$ , de incidência dos níveis de efeitos fixos nas classes de desvio-padrão  $i$ ;

$\tilde{\beta}_i$  = vetor,  $f \times 1$ , de efeitos fixos na classe  $i$ ;

$Z$  = matriz diagonal,  $n_i \times n_i$ , de incidência dos valores genéticos diretos, contendo “1” na classe  $i$ ;

$a_i$  = vetor,  $n_i \times 1$ , de valores genéticos dos animais na classe  $i$ ;

$n_i$  = número de dados na classe  $i$ ; e

$e_i$  = vetor de resíduos com as mesmas dimensões de  $y_i$ .

Admitindo-se que  $y$ ,  $a$  e  $e$  tenham distribuição normal multivariada, tem-se

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ' + R & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que

$$G = A \otimes G_0; \text{ e}$$

$$R = I_N \otimes R_0,$$

sendo

$A$  = matriz,  $n \times n$ , do numerador do coeficiente de parentesco entre os animais;

$G_0$ , e  $R_0$  = matrizes,  $q \times q$ , de covariâncias genéticas diretas e variâncias residuais, respectivamente, entre as  $q$  características; e

$\otimes$  = operador produto-direto (SEARLE, 1971).

Assim,

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} & \sigma_{a13} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 & \sigma_{a23} \\ \sigma_{a31} & \sigma_{a32} & \sigma_{a33}^2 \end{bmatrix},$$

em que

$\sigma_{a11}^2$  = variância genética aditiva da característica  $i$ ; e

$\sigma_{a12}$  = covariância genética aditiva entre as características  $i$  e  $j$ .

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{e22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{e33}^2 \end{bmatrix}$$

$\sigma_{e11}^2$  = variância residual da característica  $i$ .

O sistema de equações de modelo misto (3.3) é

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{\alpha} \\ \sim \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ \sim \end{bmatrix},$$

cuja solução é obtida da seguinte forma:

$$\hat{\beta} = [X'R^{-1}X - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X]^{-1} [X'R^{-1}y - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}y],$$

$$\hat{\alpha} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}(y - X\hat{\beta}).$$

## **4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **4.1. Análise da importância dos efeitos maternos nas avaliações genéticas**

Os valores de  $-2$  vezes o logaritmo natural da função de verossimilhança ( $-2 \log_e L$ ) e do teste da razão de verossimilhança ( $RL_{ij}$ ), utilizados na identificação da significância do modelo com efeito materno, para pesos analisados como característica única, em que se considerou ou não a formação de classes de desvio-padrão fenotípico, estão apresentados na Tabela 2.

Observa-se que a inclusão de efeitos maternos nos modelos foi significativa a 1% de probabilidade ( $P < 0,01$ ), para todos os pesos e em todas as análises, à exceção do peso aos 420 dias, que, na classe de desvio-padrão fenotípico médio, foi significativo a 5%.

Observa-se também que, nos pesos a diferentes idades, os valores do teste da razão de verossimilhança, nas análises de características única geral, foram superiores aos constatados em cada classe de desvio-padrão fenotípico, o que indica que os efeitos maternos são de grande importância quando se desconsidera a heterogeneidade de variâncias.

Neste estudo, não foi possível avaliar o quanto o efeito de ambiente permanente da mãe está confundido nos efeitos genéticos maternos. Entretanto, tem sido verificada influência mais acentuada da ausência desse efeito especialmente no componente materno, em estudos sobre a raça Nelore (MERCADANTE e LÔBO, 1997; FERREIRA, 1999; MARCONDES, 1999).

Tabela 2 - Valores de  $-2$  vezes o logaritmo natural da função de verossimilhança ( $-2 \log_e L$ ) e do teste da razão de verossimilhança ( $RL_{ij}$ ), para modelos seqüencialmente reduzidos, obtidos para pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, em análises de características única geral e nas classes de desvio-padrão fenotípico

Pesos corrigidos para idades-padrão	Classes de desvio-padrão fenotípico	$- 2 \log_e L$		$RL_{ij}$
		Sem efeitos maternos	Com efeitos maternos	
120 dias de idade	Análise geral	229.967,653	229.742,667	224,98**
	Baixo	71.794,473	71.759,699	34,77**
	Médio	74.758,264	74.672,833	85,43**
	Alto	81.983,414	81.946,652	36,76**
240 dias de idade	Análise geral	255.375,598	255.041,231	334,37**
	Baixo	85.501,134	85.441,551	59,58**
	Médio	83.632,821	83.557,558	75,26**
	Alto	86.368,635	86.279,632	89,00**
420 dias de idade	Análise geral	207.997,535	207.966,041	31,49**
	Baixo	70.000,269	69.992,127	8,14**
	Médio	68.469,492	68.464,876	4,61*
	Alto	69.672,953	69.659,628	13,32**

\*  $P < 0,05$ .

\*\*  $P < 0,01$ .

Com relação aos pesos na fase anterior à desmama e na desmama, os resultados assemelham-se aos observados por MERCADANTE e LÔBO (1997), FERREIRA (1999), SCARPATI e LÔBO (1999), FERRAZ FILHO et al. (2000) e MERCADANTE et al. (2000), que retrataram a relação de dependência criamãe presente nos mamíferos, a qual, geralmente, é interrompida na fase de pós-desmama.

As estimativas dos componentes de variâncias e dos parâmetros genéticos, obtidas em análises de característica única, com e sem efeito materno no modelo, estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3 - Estimativas de variâncias genética aditiva direta ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), materna ( $\hat{\sigma}_m^2$ ) e residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ); de covariâncias e correlações genéticas direto-materna ( $\hat{\sigma}_{am}$  e  $r_{am}$ , respectivamente); de herdabilidades direta ( $\hat{h}_a^2$ ), materna ( $\hat{h}_m^2$ ), de efeitos genéticos totais ( $\hat{h}_T^2$ ) e dos erros-padrão (entre parênteses), obtidas em análises de características única geral, com pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade

Parâmetros	Modelo com efeito materno			Modelo sem efeito materno		
	120 dias	240 dias	420 dias	120 dias	240 dias	420 dias
$\hat{\sigma}_a^2$	44,690	107,349	119,311	77,753	214,007	148,499
$\hat{\sigma}_m^2$	36,376	121,048	44,905			
$\hat{\sigma}_e^2$	204,675	547,004	826,040	198,739	528,705	830,968
$\hat{\sigma}_{am}$	- 16,153	- 55,159	- 15,680			
$r_{am}$	- 0,40 (±0,137)	- 0,48 (±0,137)	- 0,21 (±0,193)			
$\hat{h}_a^2$	0,17 (±0,018)	0,15 (±0,016)	0,12 (±0,016)	0,28 (± 0,014)	0,29 (± 0,015)	0,15 (± 0,014)
$\hat{h}_m^2$	0,13 (±0,015)	0,17 (±0,015)	0,05 (±0,012)			
$\hat{h}_T^2$	0,14	0,12	0,12			

Para o peso pós-desmama, embora o teste da razão de verossimilhança não tenha caracterizado, estatisticamente, a evidência do rompimento desses laços, as menores estimativas de componentes de variâncias e parâmetros genéticos maternos, obtidas para pesos aos 420 dias de idade (Tabela 3), indicam a redução da importância desse efeito à medida que o animal vai se tornando adulto, conforme afirmado por MERCADANTE et al. (2000).

Ao se compararem os parâmetros obtidos nos modelos com e sem efeitos maternos (Tabela 3), observa-se que o modelo mais simples (sem efeito materno) parece superestimar a variância aditiva direta e, conseqüentemente, o potencial

de resposta à seleção, por ignorar a covariância negativa entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno. Resultados semelhantes foram observados por MERCADANTE e LÔBO (1997), FERREIRA (1999), SCARPATI e LÔBO (1999) e SOUSA et al. (1999).

A contribuição materna para a variação dos pesos corrigidos aos 120 e 240 dias de idade, em análise de característica única, mostrou-se proporcional à contribuição direta, porém foi bem menor no peso corrigido aos 420 dias de idade, o que condiz com afirmações de SOUSA et al. (1999), segundo os quais a importância relativa dos efeitos aditivos direto e materno varia com a idade.

Nas análises de característica única, com presença de efeito materno, as estimativas das herdabilidades dos efeitos diretos foram de pequena magnitude, visto que apresentaram valores de 0,17, 0,15, e 0,12 para pesos aos 120, 240 e 420 dias, respectivamente. Na ausência do efeito materno, esses valores foram de 0,28, 0,29 e 0,15, respectivamente. Os menores valores constatados nas análises com efeito materno estão de acordo com as afirmações de NOTTER et al. (1992), que afirmaram que os valores dos parâmetros genéticos aditivos diretos decrescem quando os efeitos maternos são incorporados ao modelo. A menor herdabilidade observada no peso aos 420 dias pode ser atribuída a efeitos de seleção, que pode ter ocorrido nessa idade. Valores de pequena magnitude para esses parâmetros também foram constatados por FERREIRA (1999), na raça Nelore, porém para um conjunto de dados bem menor.

De acordo com WILLHAM (1972), para características sujeitas à influência materna, como verificado neste trabalho, a herdabilidade dos efeitos genéticos totais ( $h^2_T$ ) pode tornar-se o principal determinante da resposta à seleção. Os valores obtidos das estimativas dessas herdabilidades foram de 0,14, 0,12 e 0,12 para pesos aos 120, 240 e 420 dias de idade, respectivamente.

Na Tabela 4 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variâncias e dos parâmetros genéticos, obtidas de análises de múltiplas características, com pesos em diferentes idades, com e sem efeito materno no modelo.

No peso aos 420 dias de idade, com efeito materno no modelo, constatou-se dificuldade de se obter a convergência ao nível de variância do

simplex preestabelecido, provavelmente devido ao tamanho reduzido do conjunto de dados, conforme afirmações de WINKELMAN e SCHAEFFER (1988), segundo os quais pode haver dificuldades de convergência em análises de variâncias por REML quando o conjunto de dados for limitado, ou quando for aumentado o número de parâmetros a serem estimados (WEIGEL e GIANOLA, 1992).

Tabela 4 - Estimativas das variâncias genéticas aditivas direta ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), materna ( $\hat{\sigma}_m^2$ ) e variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ); das correlações genéticas direto-materna ( $r_{am}$ ); das herdabilidades direta ( $\hat{h}_a^2$ ), materna ( $\hat{h}_m^2$ ), de efeitos genéticos totais ( $\hat{h}_T^2$ ) e dos erros-padrão (entre parênteses), obtidas em análises de múltiplas características<sup>1</sup>, com pesos em diferentes idades

Parâmetros	Modelo com efeito materno			Modelo sem efeito materno		
	Peso a 120 dias	Peso a 240 dias	Peso a 420 dias <sup>2</sup>	Peso a 120 dias	Peso a 240 dias	Peso a 420 dias
$\hat{\sigma}_a^2$	92,53	219,36	222,64	84,20	229,73	196,49
$\hat{\sigma}_m^2$	15,59	57,26	12,63			
$\hat{\sigma}_e^2$	186,23	509,91	808,53	194,37	521,91	810,72
$r_{am}$	- 0,40	- 0,40	- 0,37			
$\hat{h}_a^2$	0,33	0,29	0,22	0,30	0,31	0,20
$\hat{h}_m^2$	0,06	0,08	0,01			
$\hat{h}_T^2$	0,28	0,25	0,21			

<sup>1</sup> Análises de múltiplas características com combinações do peso a 120 dias de idade com os pesos a 240 e a 420 dias de idade.

<sup>2</sup> Convergência obtida com variância do simplex igual a  $10^{-8}$ .

Nas análises de múltiplas características, a pesos em diferentes idades, verifica-se que as herdabilidades dos efeitos genéticos direto sofreram pouca influência da presença de efeito materno no modelo. Os valores para os pesos aos 120 e 240 dias foram bem próximos aos observados nas análises de característica única geral sem efeitos maternos (Tabela 3), razão por que não haveria, nesse

caso, superestimação da variância aditiva direta, como pareceu indicar os resultados das análises de característica única.

Como afirmou POLLAK (1985), pode-se verificar, com relação aos efeitos genéticos diretos constatados nos pesos nas fases de pré-desmama e na desmama, que foi obtida maior qualidade de variâncias e covariâncias quando se utilizou análise de múltiplas características, associada à presença da matriz de parentesco, em razão do maior número de informações que é envolvido nessa análise.

Os resultados das análises de múltiplas características mostraram, portanto, que existe potencial de resposta à seleção e que a raça estudada apresenta variabilidade genética aditiva para as características de crescimento. No entanto, FERRAZ FILHO et al. (2000), ao analisarem também dados da raça Tabapuã, encontraram herdabilidade direta de 0,16, 0,17 e 0,13, para peso aos 205, 365 e 550 dias de idade, e afirmaram que o progresso genético mediante seleção não deverá ser alto nessas características.

O valor observado para a herdabilidade direta do peso aos 420 dias de idade foi 0,21, valor relativamente baixo. Além do possível efeito de seleção, postula-se que esse resultado também tenha sido influenciado pela presença de crescimento compensatório pós-desmama, que, na maioria das vezes, é consequência de estresse ambiental sofrido pelas mães antes da desmama, resultando em menor produção de leite. Segundo ROBINSON (1981), este é o principal componente materno para o desenvolvimento das crias.

Quanto às estimativas das herdabilidades maternas, verifica-se que os valores obtidos nas análises de múltiplas características foram menores que os das análises de característica única. Assim, com relação à detecção da importância dos efeitos maternos, constata-se certa contradição entre essas análises.

A confirmação da pequena relevância dos componentes maternos nas análises de múltiplas características, apesar de as correlações entre os efeitos aditivos diretos e maternos apresentarem valores expressivos, provavelmente indica que os dados, que foram coletados no campo, limitam a estimação de efeitos maternos com qualidade, como afirmaram SOUSA et al. (1999).

Entretanto, a falta de consistência entre os resultados das análises de característica única e de múltiplas características gera dúvidas sobre a perspectiva de se esperar ou não progresso genético na habilidade materna das vacas, ao ser realizada a seleção na raça Tabapuã com esse objetivo.

O antagonismo entre os efeitos aditivos diretos e maternos, no entanto, ficou bem caracterizado pelos valores das correlações entre esses efeitos, tanto nas análises de característica única ( $r = -0,40$  e  $-0,48$ , respectivamente, para os pesos na pré-desmama e na desmama), mostradas na Tabela 3, como nas análises de múltiplas características para os pesos corrigidos aos 120 e 240 dias de idade ( $r = -0,40$  para ambos os pesos), mostradas na Tabela 4, o que condiz com ROBINSON (1996a e 1996b), que afirmou já estar bem definida essa relação em bovinos. Além disso, é de grande importância que ela seja conhecida, pois, segundo ROBINSON (1981), a correlação negativa e de elevada magnitude entre os efeitos aditivos diretos e maternos pode provocar redução na eficiência de testes de progênes.

Apesar de se constatar esse antagonismo em várias pesquisas, como no estudo de FERRAZ FILHO et al. (2000), resultados contrários foram obtidos por FERREIRA (1999) e MERCADANTE et al. (2000). Tal fato estaria condizente com MEYER (1992), que afirmou serem observados tanto resultados positivos como negativos nessas correlações. Por outro lado, deve-se considerar também que a estrutura de dados tem poder para influenciar essas correlações, como constatado por ROBINSON (1996b), por meio de simulação.

Especificamente no peso corrigido aos 240 dias de idade e em análise de característica única (Tabela 3), constata-se que a presença de correlação negativa levou à obtenção de herdabilidade materna maior que a direta. Esse resultado indica que a análise de característica única foi capaz de detectar a sensibilidade que os animais geralmente mostram ao procedimento de desmama adotado, que geralmente é realizado nessa idade, o que também foi constatado por SAKAGUTI (2000), que analisou dados da raça Tabapuã mediante modelos de regressão aleatória.

Na Tabela 5 estão as correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, preditos com componentes de variâncias

obtidos das seguintes situações: a) Análises de característica única com ausência e presença de efeitos maternos no modelo; e b) Análises de múltiplas características com pesos em duas idades diferentes, com presença de efeitos maternos nos modelos. Em ambas as situações, as correlações foram calculadas para cada peso.

Observa-se, nas análises de característica única, que as correlações, tanto de Pearson como de Spearman, entre os valores genéticos preditos em modelos com presença e ausência de efeitos maternos foram superiores a 95%, nos três pesos estudados, o que indica que, aparentemente, apenas pequena influência do efeito materno no ordenamento dos reprodutores poderá ser esperada desse tipo de análise.

Tabela 5 – Correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidas por análises de característica única, em modelos com e sem efeitos maternos, e por análises de múltiplas características e de característica única, ambas com efeitos maternos, para pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade

Análises com efeitos maternos	Correlação de Pearson			Correlação de Spearman		
	120 dias	240 dias	420 dias	120 dias	240 dias	420 dias
Análises de característica única, sem efeito materno						
Análises de característica única	0,97	0,95	0,99	0,97	0,95	0,95
Análises de característica única, com efeito materno						
Análises de múltiplas características <sup>1</sup>	0,94	0,94	0,90	0,96	0,94	0,91

<sup>1</sup> Análises de múltiplas características com combinações do peso aos 120 dias de idade com pesos aos 240 e a 420 dias de idade.

Ao serem analisadas as correlações entre valores genéticos das análises de múltiplas características, com pesos em diferentes idades, e das análises de característica única, ambas com efeitos maternos nos modelos, constata-se que os valores decresceram com o aumento das idades dos animais, que variaram de

0,94, no peso aos 120 dias, a 0,90, no peso aos 420 dias, e de 0,96 a 0,91 nesses pesos, para as correlações de Pearson e de Spearman, respectivamente. Porém, talvez esses resultados estejam mostrando, além da influência da seleção, algum efeito do tamanho do conjunto de dados, que decresce com o aumento da idade.

Na Tabela 6 estão as médias e os desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores para pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, obtidos de análises de característica única, mediante modelos com e sem efeitos maternos, e também de análises de múltiplas características dos pesos em diferentes idades, em modelo com efeitos maternos.

Quando a análise de característica única foi realizada, o modelo sem efeito materno apresentou maiores média e desvio-padrão para os valores genéticos dos reprodutores, em razão de maiores estimativas para as variâncias aditivas diretas observadas com esse modelo. Novamente, houve a mesma tendência de a presença de efeitos maternos remover parte da variância aditiva direta, conforme afirmações de NOTTER et al. (1992) e de MEYER (1992). No entanto, essa redução na amplitude do valor genético, caracterizada pelo menor desvio-padrão quando o efeito materno está presente no modelo, pode interferir na discriminação entre os valores genéticos dos melhores reprodutores, segundo afirmação de ARAÚJO (2000), sobre a influência do acréscimo de efeitos no modelo.

As médias e os desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores estimados, com variâncias aditivas diretas obtidas de análises de múltiplas características e pesos em idades diferentes, foram maiores quando comparados aos valores obtidos de análises de característica única. Este resultado é condizente com a afirmação de FREITAS (2000), que constatou que, depois do método de estimação, o uso de análise de característica única ou múltipla foi o que mais influenciou as estimativas de herdabilidades em sua pesquisa.

Tabela 6 - Médias e desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores para os pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, obtidos de análises de característica única, em modelos com e sem efeitos maternos, e de análises de múltiplas características dos pesos em diferentes idades, com efeitos maternos no modelo

Análises	Valor genético do peso aos 120 dias		Valor genético do peso aos 240 dias		Valor genético do peso aos 420 dias	
	Média	Desvio-padrão	Média	Desvio-padrão	Média	Desvio-padrão
Característica única						
Sem efeito materno	1,353	5,974	2,264	9,567	2,163	8,750
Com efeito materno	0,639	4,914	1,099	7,604	1,684	7,899
Múltiplas características						
Com efeito materno <sup>1</sup>	1,727	6,223	2,787	9,835	3,180	10,062

<sup>1</sup> Análises de múltiplas características com combinações do peso aos 120 dias de idade com pesos aos 240 e aos 420 dias de idade.

Utilizando-se uma intensidade de seleção de 10%, na Tabela 7 são apresentados os percentuais de touros que estão entre os melhores reprodutores, ao serem classificados com base em seus valores genéticos obtidos de análise de característica única, tanto na ausência como na presença de efeitos maternos nos modelos, e ao serem classificados com base nos valores genéticos obtidos de análises de múltiplas características e de análises de característica única, ambas com efeito materno nos modelos.

Ao serem comparadas as classificações dos reprodutores, na análise de característica única, observa-se que a presença do efeito materno exerceu maior influência no peso aos 240 dias, o que mostra que o reordenamento poderá ocorrer, pois apenas 82,2% dos reprodutores estariam presentes em ambas as classificações. Para os pesos aos 120 e 420 dias de idade, os valores observados foram 87,5 e 91,6%, respectivamente, o que evidencia a maior importância de efeitos maternos sobre a desmama.

Tabela 7 – Porcentagens de touros entre os 10% melhores reprodutores, ao serem classificados pelos seus valores genéticos predtos para pesos aos 120, 240 e 420 dias de idade, nas seguintes situações: a) em análises de característica única geral, em ordenamentos na presença e na ausência de efeito materno, respectivamente; e b) em análise de característica única geral e em análises de múltiplas características, ambas com efeitos maternos

Análises com efeito materno	Análises de característica única, sem efeitos maternos			Análises de múltiplas características <sup>1</sup> , com efeitos maternos		
	120 dias	240 dias	420 dias	120 dias	240 dias	420 dias <sup>2</sup>
Característica única	87,5%	82,2%	91,6%	81,2%	72,9%	72,9%

<sup>1</sup> Análises de múltiplas características com combinações do peso aos 120 dias de idade com pesos aos 240 e aos 420 dias de idade.

<sup>2</sup> Convergência obtida com variância do simplex igual a  $10^{-8}$ .

Com relação aos percentuais de touros em comum, quando a classificação foi feita com base nas análises de múltiplas características e nas análises de característica única, observaram-se os valores de 81,2, 72,9 e 72,9% para pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, respectivamente. No entanto, ressalta-se que, na análise conjunta do peso aos 120 dias e aos 420 dias de idade, foram constatadas dificuldades de convergência, na variância do simplex preestabelecido. Assim, pode-se afirmar, com certa segurança, que esse procedimento utilizado também demonstrou que o peso na desmama pode ser influenciado por efeitos maternos.

#### **4.2. Ajustamento para heterogeneidade de variâncias com utilização de transformação nos dados**

As estatísticas descritivas (médias e desvios-padrão fenotípicos) dos pesos na ‘pré-desmama’, corrigidos aos 120 dias; na ‘desmama’, aos 240 dias; e na ‘pós-desmama’, aos 420 dias, nos conjuntos de dados das classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos e também para os dados que desconsideram a formação dessas classes, estão na Tabela 8.

Tabela 8 – Médias e desvios-padrão fenotípicos dos pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, em cada classe de desvio-padrão fenotípico e também nos conjuntos de dados, sem considerar a formação dessas classes

	Pesos corrigidos para idades-padrão		
	120 dias	240 dias	420 dias
Sem classes de desvio-padrão			
Média (kg)	117,96	193,69	245,36
Desvio-padrão	19,59	31,28	37,84
Classe de baixo desvio-padrão			
Média (kg)	115,11	192,26	241,59
Desvio-padrão	16,69	29,41	35,48
Classe de médio desvio-padrão			
Média (kg)	117,50	193,87	244,49
Desvio-padrão	18,49	31,52	38,26
Classe de alto desvio-padrão			
Média (kg)	121,19	194,99	250,04
Desvio-padrão	22,56	32,79	39,26

Ao se analisarem os pesos em diferentes idades, constata-se que os valores das médias e dos desvios-padrão eram maiores à medida que o animal envelhecia. O comportamento do desvio-padrão fenotípico foi similar ao observado por BROWNIE et al. (1990), que afirmaram ser este um fato freqüentemente constatado em estudos de crescimento, como resposta dos animais ao tempo. FREITAS (2000) afirmou que, para o desenvolvimento ponderal de bovinos, esse fato pode ser, em parte, explicado pela maior dificuldade de pesar o animal adulto e pelo acúmulo de influências ambientais, razão da necessidade de maior rigor nas análises que abrangem maiores idades.

Verifica-se que a estratégia usada neste estudo para agrupar os dados em três classes, segundo os desvios-padrão fenotípicos dos grupos de contemporâneos, resultou em comportamento similar para as médias dos três pesos estudados, constatando-se acréscimo à medida que o desvio-padrão fenotípico das classes aumentava. Essa indicação aparente da correlação entre médias e variâncias é similar ao que também foi observado, para características de produção em gado de leite, por HILL et al. (1983), GARRICK e VAN

VLECK (1987), WINKELMAN e SCHAEFFER (1988), VALENCIA et al. (1998), MARION et al. (2000a), TORRES et al. (2000) e ARAÚJO (2000), em estudos com metodologias similares à adotada nesta pesquisa.

O comportamento das médias e dos desvios-padrão fenotípicos, apresentado pelos pesos nas diferentes classes, confirma a presença de variâncias heterogêneas nos dados, como também foi constatado por IBAÑEZ et al. (1996) e CARVALHEIRO et al. (2000), ao estratificarem dados com base nas variâncias dos grupos de contemporâneos.

Outros critérios também têm mostrado eficiência na constatação de heterogeneidade de variâncias. Como exemplo, tem-se a estratificação de dados com base nas médias de produção ou nas variâncias dos rebanhos, que, segundo FAMULA (1989), pode ser considerada uma estratégia relativamente simples e muito utilizada em gado de leite. Por outro lado, esse autor afirmou que a constatação de variâncias heterogêneas poderia ser mais eficaz se baseada na comparação 'rebanho a rebanho' ou em outra estratégia livre de seleção, o que não condiz totalmente com as afirmações de VISSCHER (1991), que, por simulação, constatou serem relativamente pequenos os efeitos de seleção.

Nas Tabelas 9, 10 e 11 encontram-se as estimativas dos componentes de variâncias para pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, respectivamente. As variâncias aditivas direta e materna e as variâncias residuais foram obtidas de análises de característica única, para pesos em cada classe de desvio-padrão fenotípico, a partir de dados apresentados em escala original, em escala logarítmica e padronizados, ao dividir o valor do registro pelo desvio-padrão fenotípico da classe.

Tabela 9 - Estimativas de variâncias genéticas aditiva direta ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e materna ( $\hat{\sigma}_m^2$ ), variâncias residuais ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) e covariâncias genéticas direto-materna ( $\hat{\sigma}_{am}$ ), obtidas de análises de característica única com peso corrigido aos 120 dias nas classes de baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípico, com registros em escala original, logarítmica e padronizada pelo desvio-padrão fenotípico da classe

Classes de desvio-padrão	Escala	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_{am}$
Baixo	Escala original	38,9802	24,9214	130,9688	-19,3013
	Escala logarítmica	0,0005	0,0004	0,0020	-0,0003
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,1399	0,0894	0,4698	-0,0693
Médio	Escala original	56,0550	53,9437	178,2204	-37,0546
	Escala logarítmica	0,0007	0,0007	0,0026	-0,0005
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,1639	0,1579	0,5215	-0,1084
Alto	Escala original	82,4000	34,6343	271,6047	-6,5560
	Escala logarítmica	0,0011	0,0005	0,0038	-0,0001
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,1620	0,0681	0,5338	-0,0129

Observa-se, em cada peso apresentado em escala original, que as variâncias estimadas cresceram com o aumento do desvio-padrão fenotípico das classes, ou não foram aparentemente constantes, o que caracteriza presença de heterogeneidade de variâncias entre as classes de desvio-padrão. Esse comportamento foi similar ao que tem sido observado em gado de leite, quando também são utilizados procedimentos de estratificação dos dados com base na média e, ou, nas variâncias da produção de leite e, ou, de gordura, conforme HILL et al. (1983), LOFGREN et al. (1985) e SHORT et al. (1990), dentre outros.

Com relação aos pesos na escala logarítmica, constata-se que, aos 120 e 240 dias de idade, houve acréscimo nas estimativas de variâncias aditiva direta e residual, à semelhança do que ocorreu com esses pesos na escala original, o que condiz com resultados obtidos por SHORT et al. (1990), que avaliaram a característica produção de leite.

Tabela 10 - Estimativas de variâncias genéticas aditiva direta ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e materna ( $\hat{\sigma}_m^2$ ), variâncias residuais ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) e covariâncias genéticas direto-maternas ( $\hat{\sigma}_{am}$ ), obtidas por análises de característica única com peso corrigido aos 240 dias, nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, com registros em escala original, logarítmica e padronizada pelo desvio-padrão fenotípico da classe

Classes de desvio-padrão	Escalas	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_{am}$
Baixo	Escala original	117,0069	99,6584	477,1590	- 55,9818
	Escala logarítmica	0,0007	0,0005	0,0024	- 0,0003
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,1553	0,1152	0,5515	- 0,0647
Médio	Escala original	159,9179	160,2062	492,5507	- 96,2754
	Escala logarítmica	0,0008	0,0008	0,0025	- 0,0005
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,1609	0,1612	0,4957	- 0,0968
Alto	Escala original	175,0958	156,8391	564,7837	- 80,1553
	Escala logarítmica	0,0009	0,0008	0,0029	- 0,0004
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,1628	0,1460	0,5252	- 0,0746

Nas estimativas de variâncias do peso aos 420 dias de idade e variâncias aditivas maternas dos outros pesos não foi constatada a mesma tendência de acréscimo. No entanto, não foram observados valores constantes para pesos nas diferentes classes de desvio-padrão. Esses resultados indicam que a transformação dos dados para a escala logarítmica não corrigiu, de forma eficiente, a heterogeneidade de variâncias presente nas classes de desvio-padrão fenotípico formadas, comportamento este que se assemelha ao constatado por EVERETT e KEOWN (1984), MIRANDE e VAN VLECK (1985), BROTHERSTHON e HILL (1986), DE VEER e VAN VLECK (1987), GARRICK e VAN VLECK, 1987 e MARION et al. (2000b), em pesquisa, da mesma natureza, para bovinos de leite.

Tabela 11 - Estimativas de variâncias genéticas aditiva direta ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e materna ( $\hat{\sigma}_m^2$ ), variâncias residuais ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) e covariâncias genéticas direto-maternas ( $\hat{\sigma}_{am}$ ), obtidas por análises de característica única com peso corrigido aos 420 dias, nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, com registros em escala original, logarítmica e padronizada pelo desvio-padrão fenotípico da classe

Classes de desvio-padrão	Escalas	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_{am}$
Baixo	Escala original	98,8528	33,2059	747,5273	2,97740
	Escala logarítmica	0,0003	0,0001	0,0023	0,00002
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,0786	0,0264	0,5938	0,00240
Médio	Escala original	168,0425	23,3916	859,4661	- 37,46890
	Escala logarítmica	0,0006	0,0001	0,0026	- 0,00011
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,1150	0,0166	0,5872	- 0,02560
Alto	Escala original	136,8397	61,6546	847,0903	- 14,29190
	Escala logarítmica	0,0005	0,0002	0,0024	- 0,00005
	Divisão pelo desvio-padrão da classe	0,0888	0,0400	0,5495	- 0,00928

A obtenção de estimativas de variâncias com dados em escala logarítmica mostrou ser um procedimento relativamente cômodo e de fácil uso, o que condiz com autores que atribuem sua utilização a essa simplicidade operacional. No entanto, nessa escala, como os valores são relativamente pequenos, do ponto de vista prático esse manuseio é aparentemente dificultado, pois estão mais sujeitos a erros, principalmente de aproximação, conforme afirmaram MIRANDE e VAN VLECK (1985). Com base nos resultados aqui observados e de acordo com afirmações feitas por GARRICK e VAN VLECK (1987), verifica-se que o tratamento da heterogeneidade de variâncias genéticas e residual, pelo uso de transformações para a escala logarítmica, é uma abordagem muito simplista.

Os resultados obtidos são evidências suficientes para se questionar o uso de transformação dos registros de produção da raça Tabapuã para a escala logarítmica, quando da realização de análises genéticas em nível nacional, o que

discorda da proposta apresentada por EVERETT e KEOWN (1984), para avaliação genética de gado de leite realizada em nível nacional. Por outro lado, os resultados são condizentes com os de MIRANDE e VAN VLECK (1985), BOLDMAN e FREEMAN (1990), SHORT et al. (1990), RAMOS et al. (1996), TORRES et al. (1999) e MARION et al. (2000b), para os quais a transformação logarítmica é ineficaz, se utilizada com o intuito de remover a heterogeneidade de variâncias.

Constata-se também que houve ineficácia na homogeneização de variâncias entre as classes de desvio-padrão fenotípico, quando se usou transformação pela ‘divisão dos registros pelo desvio-padrão fenotípico da classe’. Nesse caso, foi mantida, para os valores das variâncias, a mesma proporcionalidade observada nos registros em escala original, como também verificaram TORRES et al. (1999).

#### **4.3. Heterogeneidade de variâncias com utilização de modelos lineares para múltiplas características**

No programa REML utilizado (BOLDMAN et al., 1995) observaram-se limitações, de natureza computacional, tanto no tempo gasto como também na conversão, em nível de variância, do simplex preestabelecido, apesar de terem sido fixadas em zero as covariâncias entre efeitos aditivos diretos e maternos para peso nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico, analisados como múltiplas características .

Por essa razão, nas análises de múltiplas características, em que o peso foi considerado como característica distinta nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico, não foram incluídos os efeitos maternos nos modelos, embora tenha sido constatada a importância destes. Segundo FOULLEY et al. (1990), nos estudos de heterogeneidade de variâncias, em que se recorre à formação de grupos mais homogêneos, obrigatoriamente de menor tamanho, esse tipo de problema tem sido verificado. Em muitos casos, não tem sido avaliado, no entanto, se a heterogeneidade presente justifica a utilização de grau adicional de parametrização, com conseqüente acréscimo em complexidade computacional e

possível comprometimento das propriedades ótimas da máxima verosimilhança restrita, se o tamanho dos grupos formados for pequeno, o que está condizente com WINKELMAN e SCHAEFFER (1988).

Na Tabela 12 estão as variâncias genéticas e residuais obtidas de análises de múltiplas características com cada peso nas três classes de desvio-padrão fenotípico, tratado como características diferentes. Nas diagonais principais, da Tabela 13, estão os valores das herdabilidades, enquanto os valores das correlações genéticas, para um mesmo peso presente nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico, estão abaixo dessas diagonais. Novamente, o valor das variâncias genéticas e residuais dos pesos aumentou com a média do peso em maiores idades, como afirmaram GARRICK et al. (1989).

Tabela 12 - Estimativas dos componentes de variâncias aditiva direta ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), obtidas de análises de múltiplas características, em que o peso é considerado característica distinta nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos

Classes de desvio-padrão	Pesos corrigidos para idades-padrão					
	120 dias		240 dias		420 dias	
	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
Baixo	46,320	131,547	185,176	468,457	124,365	760,551
Médio	82,389	175,509	260,307	478,840	179,657	840,246
Alto	146,261	249,777	299,653	545,984	191,295	849,343

Observa-se que os valores dos componentes de variâncias genéticas e residuais cresceram da classe de baixo para a de alto desvio-padrão fenotípico, o que confirma que maiores médias de pesos associaram-se a maiores variâncias aditivas e residuais, nas três diferentes idades. Esses resultados são similares aos que têm sido constatados para produção de leite e, ou, teor de gordura, em várias pesquisas, nas quais, por meio de análise múltiplas, foi tratada a expressão genética, em diferentes níveis de produção, como diferentes características correlacionadas, como as de HILL et al. (1983), EVERETT e KEOWN (1984),

MIRANDE e VAN VLECK (1985), BOLDMAN e FREEMAN (1990), IBAÑEZ et al. (1996), TORRES (1998), ARAÚJO (2000) e MARION et al. (2000a). Entretanto, segundo DE VEER e VAN VLECK (1987), essa relação parece não ser bem consistente.

Tabela 13 - Estimativas das herdabilidades e das correlações genéticas apresentadas nas diagonais principais e abaixo destas, respectivamente, obtidas de análises de múltiplas características para cada peso nas classes de baixo (B), médio (M) e alto (A) desvios padrão -fenotípicos

Pesos corrigidos para idades-padrão											
120 dias			240 dias			420 dias					
Classes	B	M	A	B	M	A	B	M	A		
B	0,26			B	0,28		B	0,14			
M	0,87	0,32		M	0,84	0,35	M	0,95	0,18		
A	0,70	0,81	0,37	A	0,74	0,74	0,35	A	0,76	0,81	0,18

Com relação ao comportamento apresentado pelas herdabilidades dos pesos nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico (Tabela 13), constata-se que, no peso corrigido aos 120 dias de idade, os valores aumentaram de modo similar ao observado nas variâncias genéticas e residuais (Tabela 12), o que indica acréscimo proporcional entre essas variâncias. Maiores estimativas de herdabilidades em rebanhos com maiores médias de produção, freqüentemente, têm sido observadas, podendo ser citados, como exemplos, os resultados apresentados por HILL et al. (1983), POWELL et al. (1983), VAN VLECK et al. (1985), DE VEER e VAN VLECK (1987) e DONG e MAO (1990). A explicação para tal fato é que melhores condições de manejo possibilitariam melhor expressão do verdadeiro potencial genético dos animais (VINSON, 1987). No entanto, essa proporcionalidade, apresentada no acréscimo das variâncias, é discordante dos resultados obtidos por TORRES (1998), que encontrou valor de herdabilidade na classe de alto desvio-padrão fenotípico

semelhante ao da classe de baixo desvio-padrão e, em ambas, menor que o valor na classe de médio desvio -padrão fenotípico.

Ao se analisarem, simultaneamente, os componentes de variâncias genéticas e residuais e as herdabilidades do peso aos 120 dias de idade (Tabelas 12 e 13), verifica-se que os resultados obtidos parecem adequar-se bem a cenários de possíveis manifestações de heterogeneidade de variâncias, segundo algumas pressuposições apresentadas por HENDERSON (1984) e discutidas por VISSCHER (1991) e VISSCHER e HILL (1992), para os quais as variâncias genéticas aditivas e residuais mudam, simultaneamente, entre ambientes, razão pela qual as herdabilidades também são variáveis.

Foram constatados também indicadores importantes da presença de heterogeneidade de variâncias nos pesos na desmama e na pós-desmama. Em ambos os pesos, houve tendência de acréscimo nos valores das herdabilidades, à semelhança do que foi constatado no peso aos 120 dias de idade, apesar de os valores nas classes de médio e alto desvios-padrão terem sido iguais. VISSCHER (1991) e VISSCHER e HILL (1992), ao discutirem cenários de heterogeneidade de variâncias, admitiram também que as variâncias genéticas aditivas e residuais mudaram, simultaneamente, entre ambientes, apesar de as herdabilidades não terem variado. É relevante também considerar que, segundo VAN VLECK (1987), é mais importante o comportamento dos valores das herdabilidades do que os das variâncias fenotípicas nos diferentes ambientes.

Observa-se, na Tabela 13, que o valor obtido da correlação entre as classes de baixo e alto desvio padrão-fenotípico foi 0,70 para peso corrigido aos 120 dias de idade. Ressalta-se que esse valor foi relativamente inferior aos encontrados em outras pesquisas dessa natureza, com gado de leite, por GARRICK e VAN VLECK (1987), DONG e MAO (1990) e CARABAÑO et al. (1990). MASCIOLI et al. (2000a,b) concluíram, a partir de valores de correlações iguais a 0,87, que havia indícios da presença de interação genótipo-ambiente em características de crescimento em gado de corte, com relação a diferentes estações de nascimento dos animais de um rebanho.

Segundo FALCONER (1989), nesse tipo de pesquisa, correlações genéticas iguais à unidade implicam interação genótipo-ambiente.

Estatisticamente, embora não tenha sido testado se as correlações diferiram da unidade, pressupondo-se que as classes de baixo e alto desvio-padrão fenotípico representassem, dentro de certos limites, condições distintas de manejo (ambientes) na população amostrada, os resultados obtidos indicam, provavelmente, a expressão de conjuntos gênicos diferentes em cada situação. Teoricamente, essa consideração baseia-se na proposição apresentada por FALCONER (1989), que afirmou que, se não houvesse interação ou se ela fosse de pequena magnitude, as mesmas bases genéticas contribuiriam, de forma semelhante, para a expressão dos fenótipos em ambos os ambientes. Portanto, parece aceitável que, se a seleção fosse realizada com base em registros de peso corrigido aos 120 dias de idade, provenientes de situação de manejo que resultasse em menor média de produção, provavelmente na população analisada seria maior a chance de se priorizar a capacidade de adaptação dos animais a ambientes mais adversos, e não o maior potencial de produção. Todavia, WINKELMAN e SCHAFFER (1988) alertaram para o fato de que o pequeno tamanho dos grupos formados pode ser capaz de reduzir os valores de correlações, em pesquisas dessa natureza.

Com relação aos pesos corrigidos aos 240 e 420 dias de idade (Tabela 13), observa-se relativa similaridade no comportamento dos valores das herdabilidades e das correlações apresentadas. Em ambos os pesos, houve tendência de acréscimo nos valores das herdabilidades, à semelhança do que foi constatado no peso corrigido aos 120 dias, entretanto, os valores foram iguais nas classes de médio e alto desvios-padrão fenotípicos. Os valores obtidos das correlações entre as classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos foram 0,74 e 0,76, nos pesos corrigidos aos 240 e 420 dias de idade, respectivamente. HENDERSON (1984), VISSCHER (1991) e VISSCHER e HILL (1992), ao discutirem cenários de heterogeneidade de variâncias, admitiram que as variâncias genéticas aditivas e residuais mudavam, proporcionalmente, entre ambientes, embora as herdabilidades não variassem.

Nos pesos na desmama e na pós-desmama também ficou bem caracterizada presença de heterogeneidade de variâncias, dado o comportamento das variâncias e das herdabilidades nas classes de desvio-padrão fenotípico. As

correlações genéticas entre os pesos representativos dessas fases da vida dos animais, nas classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos, também foram indícios de que podem ser recomendadas proposições e justificativas similares àquelas apresentadas para o peso na pré-desmama.

Na Tabela 14 estão as correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores preditos com componentes de variâncias, obtidos de análises de múltiplas características, sendo cada peso, nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico, considerado característica diferente. Entre parênteses está o número de reprodutores presentes nos arquivos de ambas as classes de desvio-padrão fenotípico envolvidas no cálculo de cada correlação.

Tabela 14 – Correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidos de análises de múltiplas características das classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, para peso aos 120 240 e 420 dias de idade

	Classes de desvio-padrão	Correlação de Pearson		Correlação de Spearman	
		Médio (Número de touros)	Alto	Médio (Número de touros)	Alto
Peso aos 120 dias de idade	Baixo	0,94 (337)	0,79 (285)	0,93 (337)	0,79 (285)
	Médio		0,87 (312)		0,87 (312)
Peso aos 240 dias de idade	Baixo	0,90 (337)	0,83 (284)	0,90 (337)	0,83 (284)
	Médio		0,81 (312)		0,80 (312)
Peso aos 420 dias de idade	Baixo	0,90 (329)	0,83 (278)	0,89 (329)	0,83 (278)
	Médio		0,81 (300)		0,79 (300)

As correlações de Pearson, para os valores genéticos dos reprodutores, entre as classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos foram 0,79, 0,83 e 0,83 para pesos aos 120, 240 e 420 dias de idade, respectivamente. Os valores das correlações de Spearman foram de 0,79, 0,83 e 0,83, para a mesma seqüência

de características apresentada. TORRES et al. (2000) encontraram, para gado de leite, valores próximos à unidade e concluíram que não era esperada alteração na classificação dos reprodutores nas três classes de desvio-padrão fenotípico.

As correlações de Pearson indicaram, à semelhança do que foi constatado com base nas correlações genéticas (Tabela 13), que, provavelmente, bases genéticas diferentes atuam nas expressões desses pesos, nas situações de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos. As correlações de Spearman, por sua vez, mostraram que os reprodutores não seriam classificados, de forma similar, mais especificamente nas classes de baixo e alto desvios-padrão fenotípicos, discordando do que foi observado por TORRES et al. (2000), em gado de leite.

Na Tabela 15 estão as médias e os desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores presentes nos arquivos de cada classe formada. Verifica-se que tanto as médias como os desvios-padrão dos valores genéticos elevaram-se com o aumento do desvio-padrão fenotípico das classes, o que mostra tendência de os animais com maior valor genético estarem associados a situações de maior variabilidade fenotípica. Esse resultado é também semelhante aos que foram observados em características de produção em gado de leite, em que vacas classificadas como 'elite' apareceram, com maior frequência, nos rebanhos mais variáveis, como nos trabalhos de EVERETT et al. (1982), POWELL et al. (1983), HILL (1984), BROTHERSTONE e HILL (1986), GARRICK e VAN VLECK (1987), DONG e MAO (1990), MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993), ARAÚJO (2000).

As maiores médias e desvios-padrão dos valores genéticos de reprodutores, constatados nas classes de maiores desvio-padrão fenotípicos, segundo ARAÚJO (2000), indicariam melhor oportunidade de discriminação dos animais superiores. Tal argumentação, de certa forma, também está de acordo com HAMMOND (1947), que afirmou ser a seleção mais eficiente se realizada em condições de ambiente mais favorável à expressão de todo o potencial genético dos animais.

Tabela 15 - Médias e desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores presentes nos arquivos das classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos

Classes de desvio-padrão	Peso corrigido aos 120 dias de idade		Peso corrigido aos 240 dias de idade		Peso corrigido aos 420 dias de idade	
	Média	Desvio-padrão	Média	Desvio-padrão	Média	Desvio-padrão
Baixo	0,97	4,64	2,01	8,37	1,99	8,41
Médio	1,33	6,17	2,45	10,28	2,45	10,25
Alto	2,08	7,82	2,65	11,09	2,49	11,05

Na Tabela 16 estão as correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidos de análises de característica única, desconsiderando-se as classes de desvio-padrão fenotípico, e de análises de múltiplas características, considerando o peso como característica distinta nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico.

Nessas análises não foram verificadas grandes diferenças entre os valores das correlações de Pearson e de Spearman, e os valores obtidos nos três diferentes pesos foram relativamente altos, superiores a 0,93. Portanto, pode-se afirmar que, se a heterogeneidade de variâncias fosse desconsiderada, a redução esperada no progresso genético, mediante seleção, poderia ser de pequena magnitude. Esses resultados estão de acordo com os obtidos, em gado de leite, por GARRICK e VAN VLECK (1987), BOLDMAN e FREEMAN (1990), VISSCHER e HILL (1992) e TORRES et al. (2000).

Pode-se verificar que apenas no peso corrigido aos 120 dias de idade os valores genéticos, obtidos em análise, desconsiderando-se a heterogeneidade de variâncias, apresentaram, de forma mais consistente, tendência de serem mais relacionados com os valores genéticos preditos para este peso, nas classes de maiores desvios-padrão fenotípicos. Esse comportamento assemelha-se ao que foi observado, para produção de leite, por BROTHERSTONE e HILL (1986), em que a característica, em análise geral, correlacionou-se com os valores obtidos nas classes mais variáveis.

Esse resultado pode estar indicando que, se a avaliação genética desconsiderasse a heterogeneidade de variâncias, seria maior a influência dos touros com filhos nas melhores condições de manejo, as quais resultam em maior média de produção. Conseqüentemente, pode ser que os touros classificados como ‘melhores’, na análise que desconsidera a heterogeneidade de variâncias, não o sejam nas piores condições de manejo, que resultam em menores médias de produção. Segundo TORRES et al. (2000), essa situação caracterizaria presença de interação genótipo-ambiente, em que os reprodutores são selecionados com base nas condições otimizadas de ambiente e destinados a produzir em ambientes totalmente distintos, como ocorre na bovinocultura de leite e de corte.

Tabela 16 – Correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidos de análises de característica única geral e de análises de múltiplas características com pesos nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, considerados como características distintas

	Valores genéticos					
	Correlação de Pearson entre as classes de desvio-padrão			Correlação de Spearman entre as classes de desvio-padrão		
	Baixo	Médio	Alto	Baixo	Médio	Alto
Peso a 120 dias de idade	0,93	0,96	0,96	0,93	0,96	0,96
Peso a 240 dias de idade	0,96	0,95	0,95	0,96	0,94	0,99
Peso a 420 dias de idade	0,98	0,99	0,97	0,99	0,99	0,97

Utilizando-se uma intensidade de seleção de 10%, na Tabela 17 são apresentados os percentuais de touros que estão entre os melhores reprodutores, ao serem classificados com base em seus valores genéticos, obtidos de análise realizadas com e sem consideração de variâncias heterogêneas, nos três pesos corrigidos. Observa-se, para o valor genético do peso aos 120 dias de idade, que

cerca de 70,0, 83,3 e 81,0% dos touros foram classificados entre os 10% melhores animais, quando o ordenamento foi feito, simultaneamente, por meio de análise de característica única geral e por análises de múltiplas características nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, respectivamente.

Nos pesos aos 240 e 420 dias de idade, a mesma tendência de reordenamento pôde ser também observada. Assim, verifica-se que a desconsideração da heterogeneidade de variâncias pareceu influenciar, de forma mais acentuada, o percentual de reprodutores classificados como melhores para as condições de manejo representadas pela classe de baixo desvio-padrão fenotípico.

Tabela 17 – Porcentagens de reprodutores em comum entre os 10% melhores, para pesos aos 120, 240 e 420 dias de idade, ao compararem os valores genéticos preditos em análises de característica única geral com os preditos em análises por múltiplas características, com pesos nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos

Classes de desvio-padrão	Porcentagem de reprodutores (%)		
	Peso a 120 dias	Peso a 240 dias	Peso a 420 dias
Baixo	70,0	77,5	79,5
Médio	83,3	76,2	85,4
Alto	81,0	83,8	86,5

A mudança no valor genético relativo de alguns reprodutores, que pode ter ocorrido em decorrência do aumento de variância fenotípica nas classes de desvio-padrão fenotípico, segundo SOTO MURILO et al. (1993), indica que houve interação genótipo-ambiente e que a heterogeneidade de variâncias poderia influenciar avaliações genéticas realizadas em nível nacional. Entretanto, não se pode quantificar o impacto que tal influência teria nessa avaliação.

Esse resultado mostra também que se pode esperar maior proporção de animais classificados como ‘melhores geneticamente’ a partir das situações de manejo que resultem em maior variância fenotípica, como mencionado

anteriormente, conforme resultados obtidos, em raças leiteiras, por HILL (1984), DONG e MAO (1990) e MEUWISSEN e VAN DER WERF (1993), e em raça de corte, por CARVALHEIRO et al. (2000), segundo os quais houve intensificação do problema em decorrência do aumento da intensidade de seleção. Entretanto, foi potencialmente mais sério o efeito das variâncias heterogêneas sobre a avaliação genética das fêmeas, segundo afirmaram BROTHERSTONE e HILL (1986) e IBAÑEZ et al. (1996), pois estas, geralmente, expressaram as suas produções em um único rebanho.

Foram calculadas também correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidos, respectivamente, de análises de característica única sem consideração das classes (análise geral) e de análises de característica única com peso em cada classe, com efeitos maternos nos modelos, cujos resultados estão na Tabela 18.

Tabela 18 – Correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidos de análises de característica única geral e de análises de característica única com pesos corrigidos aos 120 e 240 dias de idade, nas classes de baixo, médio e de alto desvios-padrão fenotípicos, com ambas as análises com efeitos maternos nos modelos

Pesos corrigidos	Correlações	Valor genético nas classes de desvio -padrão		
		Baixo	Médio	Alto
120 dias de idade	Pearson	0,64	0,72	0,77
	Spearman	0,62	0,70	0,77
240 dias de idade	Pearson	0,71	0,70	0,77
	Spearman	0,70	0,67	0,73

Verifica-se que os valores das correlações obtidas foram menores que os observados quando os pesos nas classes de desvio-padrão fenotípico foram analisados como múltiplas características. Valores baixos para correlações entre diferentes análises com característica única, em pesquisas com metodologias semelhantes à aqui adotada, também foram constatados por WINKELMAN e

SCHAEFFER (1988), TORRES (1998) e MASCIOLI et al. (2000b). A principal explicação atribuída por esses autores a esse resultado foi o fato de o pequeno tamanho de amostra interferir nos valores das correlações.

Na Tabela 19 estão as porcentagens de touros presentes nas classificações pelos valores genéticos obtidos de análise geral e de análise, em cada classe de desvio-padrão fenotípico, com efeitos maternos no modelo.

Tabela 19 – Porcentagens de touros em comum entre os 10% melhores, para pesos corrigidos aos 120 e 240 dias de idade, classificados por valores genéticos obtidos de análises de característica única geral e de análises com pesos nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípico, análises realizadas como característica única, com efeitos maternos nos modelos

Análises de característica única geral	Porcentagem de touros (%)		
	Análises nas classes de desvio-padrão fenotípico		
	Baixo	Médio	Alto
Peso a 120 dias	45	50	54
Peso a 240 dias	42,5	52,4	64,9

Nessas análises de característica única, observa-se que houve acréscimo no percentual de touros em comum, presentes na classificação da análise geral e na classificação das análises em cada classe de desvio-padrão fenotípico, como resposta ao aumento da variância fenotípica das classes de desvio-padrão. Entretanto, parece que, em virtude de as análises serem de característica única, o tamanho da amostra relativamente pequeno do peso em cada classe, associado à redução de variância aditiva direta causada pela presença do componente materno no modelo, mostrou-se com poder para reduzir ao patamar de 50 a 60% o número de touros classificados nas duas análises como ‘melhores geneticamente’. Conseqüentemente, nas análises de característica única, os pequenos conjuntos de dados e a maior parametrização presentes podem ter limitado a qualidade dos resultados obtidos.

## 5. RESUMO E CONCLUSÕES

Dados procedentes do controle de desenvolvimento ponderal dos rebanhos que compõem o arquivo de escrituração zootécnica nacional da raça Tabapuã, correspondendo a 35.478 animais nascidos nos anos de 1975 a 1998 e criados exclusivamente no pasto, foram utilizados na verificação do efeito da heterogeneidade de variâncias dos pesos, na pré-desmama, na desmama e na pós-desmama, sobre a avaliação genética de reprodutores. Adicionalmente, foi discutida, também, a influência da presença de efeitos maternos nos modelos.

Neste estudo de heterogeneidade de variâncias, usou-se a proposta de obtenção de componentes de variâncias, em que os registros foram agrupados em subclasses heterogêneas entre si. Para tal, estratificaram-se os valores dos pesos, corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade, em três classes distintas: baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos. O critério para formação das classes foi o valor do desvio-padrão fenotípico dos grupos de contemporâneos da característica de referência, peso corrigido aos 120 dias de idade.

Recorreu-se à utilização de funções de transformações para a escala logarítmica na base dez e à divisão dos registros pelo desvio-padrão fenotípico na classe formada, como forma de corrigir essa heterogeneidade. Constatada a

ineficácia da utilização das transformações, empregou-se a estratégia de agrupamento dos dados em classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos e realizaram-se análises de múltiplas características, sendo o peso em cada classe considerado como característica distinta.

Nas análises de características única e múltiplas utilizou-se o modelo animal. As estimativas de componentes de (co)variâncias e as predições dos valores genéticos foram obtidas pelo programa MTDFREML (Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas para Múltiplas Características).

Em análises de característica única geral, em que se desprezou a possível manifestação de variâncias heterogêneas, em análises dentro de cada classe de desvio-padrão formada e em análises de características múltiplas, em que o mesmo peso foi considerado como característica distinta nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico, estimaram-se os valores genéticos dos reprodutores.

Foram calculadas as correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores, obtidos nas diferentes análises realizadas. Considerando-se apenas 10% dos melhores animais, calculou-se também o percentual de reprodutores em comum, ao serem comparados com os resultados dos ordenamentos dos reprodutores, nas diversas situações estudadas. Esses valores foram usados, juntamente com os apresentados pelas variâncias genéticas direta e materna e variâncias residuais, e pelas herdabilidades direta e materna nas diferentes classes de desvio-padrão fenotípico, como critérios para inferir sobre a presença de interação genótipo-ambiente.

Os logaritmos naturais das funções de verossimilhança, para os modelos que incluíram efeitos maternos, foram significativamente maiores quando comparados com os valores obtidos de modelos sem o termo materno, resultando em estimativas dos componentes de variância genética direta ligeiramente menores no modelo com termo materno presente. Entretanto, as estimativas dos componentes de variância residual, nos dois modelos, ficaram próximas.

Nas análises de característica única, os valores dos parâmetros genéticos diretos decresceram quando os efeitos maternos foram incorporados ao modelo. Constatou-se, também, presença de antagonismo entre os efeitos genéticos diretos e maternos nos pesos na pré-desmama, na desmama e na pós-desmama,

expressos por valores de correlações iguais a  $-0,40$ ,  $-0,48$  e  $-0,21$ , respectivamente, para esses pesos. A influência de efeitos maternos foi maior até a desmama, com destaque no peso corrigido aos 240 dias, em que o componente materno foi maior que o direto, o que indica a importância que teve o procedimento de desmama adotado, que, geralmente, é realizado nessa idade.

Quando foram feitas análises de características múltiplas, com peso corrigido aos 420 dias de idade e efeito materno presente, houve dificuldade de convergência no nível de variância do simplex preestabelecido, fato considerado como decorrente do pequeno tamanho de amostra utilizado.

Nas análises de características múltiplas com pesos em diferentes idades, constatou-se existência de componentes de variâncias genéticas maiores, se comparados aos obtidos de análise de característica simples. Já os componentes de variâncias residuais ficaram próximos, resultando em maiores estimativas de herdabilidades para as análises de características múltiplas, recompondo, de certa forma, o componente genético aditivo nesse tipo de análise.

Ao serem considerados os pesos nas classes de desvio-padrão fenotípico, observou-se que as médias dos pesos e os componentes de variâncias, referentes aos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, e residuais aumentaram da classe de baixo para a classe de alto desvio-padrão fenotípico, o que caracteriza presença de variâncias heterogêneas. Entretanto, constatou-se que as transformações utilizadas não corrigiram, eficientemente, a heterogeneidade de variâncias entre as classes de desvio-padrão fenotípico.

Nas análises múltiplas, em que o peso foi considerado como característica distinta nas classes de baixo, médio e alto desvios-padrão fenotípicos, respectivamente, encontraram-se as seguintes estimativas de herdabilidade:  $0,26$ ,  $0,32$  e  $0,37$  para peso aos 120 dias;  $0,28$ ,  $0,35$  e  $0,35$  para peso aos 240 dias; e  $0,14$ ,  $0,18$  e  $0,18$  para peso aos 420 dias. Como as variâncias genéticas diretas e residuais mudaram simultaneamente, de tal forma que as herdabilidades também foram variáveis, foram constatadas variâncias heterogêneas.

Nos três pesos, as correlações genéticas entre o peso nas classes mais contrastantes (baixo e alto desvios-padrão fenotípicos) foram inferiores a 76%.

Admitindo-se que essas duas classes de desvio-padrão representem condições distintas de manejo (ambientes), com base nas proposições de FALCONER (1989), de que a mesma característica, em ambientes diferentes, pode ser considerada como característica distinta, parece aceitável que os resultados obtidos indiquem que conjuntos gênicos diferentes possam atuar em cada situação.

As correlações, de Pearson e de Spearman, entre os valores genéticos dos reprodutores obtidos de análise geral e de análise de característica única, em cada classe de desvio-padrão fenotípico, foram inferiores a 0,77, o que indica, em parte, o efeito do tamanho das amostras nas classes. Por outro lado, essas correlações entre os valores genéticos obtidos na análise geral e os obtidos nas análises de características múltiplas ficaram acima de 90%. Nessas duas situações, houve alteração, de relativa importância, no ordenamento dos valores genéticos dos reprodutores.

As médias e os desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores elevaram-se da classe de baixo para a de alto desvio-padrão fenotípico, nas análises de características múltiplas, o que mostra tendência de os animais com maior valor genético estarem associados a situações de maior variabilidade.

Ao considerar a seleção dos 10% melhores reprodutores, constata-se que havia maior percentual de touros em comum, na avaliação realizada com base na análise geral e na realizada com base nos parâmetros da classe de maior desvio-padrão fenotípico, e indício de que havia maior participação nas avaliações genéticas, em nível nacional, daqueles animais provenientes das condições de exploração com expressão de maior variabilidade fenotípica, razão da necessidade de se conhecer, mais profundamente, a natureza dessa variabilidade.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, R. G. O., SILVA, L. O. C., EUCLIDES FILHO, K., FIGUEIREDO, G. R. Disseminação do melhoramento genético em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 6, p.1219-1225, 1999.
- ARAÚJO, C. V. de. **Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre a produção de leite na raça holandesa**. Viçosa, MG: UFV, 2000. 80 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 2000.
- BERESKIN, B., LUSH, J. L. Genetic and environmental factors in dairy sire evaluation. III. Influence of environmental and others extraneous correlations among the daughters. **Journal of Dairy Science**, v. 48, n. 3, p. 356-360, 1965.
- BOLDMAN, K. G., FREEMAN, A. E. Adjustment for heterogeneity of variance by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 2, p. 503-512, 1990.
- BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., VAN VLECK, L. D., VAN TASSEL, C. P., KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances** (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture / Agriculture Research Service, 1995. 120 p.
- 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.
- BROTHERSTONE, S., HILL, W. G. Heterogeneity of variance amongst herds for milk production. **Animal Production**, v. 42, n. 3, p. 297-303. 1986.
- CANAVESI, F., SCHAEFFER, L. R., BURNSIDE, E. B., JANSEN, G. B., ROZZI, P. Sire by herd interaction effect when variances across herds are heterogeneous. I. Expected genetic progress. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 112, n. 2, p. 95-106, 1995a.
- CANAVESI, F., SCHAEFFER, L. R., BURNSIDE, E. B., JANSEN, G. B., ROZZI, P. Sire by herd interaction effect when variances across herds are

- heterogeneous. II. Within-herd variance component estimates. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 112, n. 2, p. 107-116, 1995b.
- CARABAÑO, M. J., WADE, K. M., VAN VLECK, L. D. Genotype by environment interaction for milk and fat production across regions of the United States. **Journal of Animal Science**, v. 73, n. 1, p. 173-180, 1990.
- CARVALHEIRO, R., FRIES, L. A., ALBUQUERQUE, L. G. Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte: estudo de simulação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. **Anais... Viçosa: SBZ**, 2000. p.233.
- CREWS Jr., D. H. FRANKE, D. E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage brahman inheritance. **Journal of Animal Science**, v. 76, n. 7, p. 1803-1809. 1998.
- CUNDIFF, L. The role of maternal effects in animal breeding. VII. Comparative aspects of maternal effects. **Journal of Animal Science**, v. 35, n. 6, p. 1335-1337, 1972.
- DE NISE, S. K., TORABI, M. Genetic parameter estimates for postweaning traits of beef cattle in a stressful environment. **Journal of Animal Science**, v. 67, n. 10, p. 2619-2626. 1989.
- DE VEER, J. C., VAN VLECK, L. D. Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. **Journal of Dairy Science**, v. 70, n. 7, p. 1434-1441, 1987.
- DICKERSON, G. E. Implication of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, v. 4, n. 1, p. 47-63, 1962.
- DODENHOFF, J., VAN VLECK, L. D., WILSON, D. E. Comparison of models to estimate genetic effects for weaning weight of angus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 77, n. 12, p. 3176-3184, 1999.
- DONG, M. C., MAO, I. L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 3, p. 843-851, 1990.
- EVERETT, R. W., KEOWN, J. F., TAYLOR, J. F. The problem of heterogeneous within herd variances when identifying elite cows. **Journal of Dairy Science**, v. 65, p. 100, 1982. (Suppl. 1), (Abstract).
- EVERETT, R. W., KEOWN, J. F. Mixel model sire evaluation with dairy cattle – experience and gain. **Journal of Dairy Science**, v. 59, n. 2, p. 529-541, 1984.
- FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. **American Nature**, v. 86, n. 830, p. 293-298, 1952.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetic**. 2 ed. New York: Longman, 1989. 340 p.
- FAMULA, T. R. Detection of heterogeneous variance in herd production groups. **Journal of Dairy Science**, v. 72, n. 3, p. 715-721, 1989.

- FERRAZ FILHO, P. B., RAMOS, A. A., SILVA, L. O. C. et al. Herdabilidades e correlações genéticas para características de crescimento de animais da raça Tabapuã. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000. p. 232.
- FERREIRA, V. C. P. **Interação genótipo – ambiente de algumas características produtivas em gado de corte no Brasil**. Belo Horizonte: Escola de Veterinária da UFMG, 1999. 45 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Minas Gerais.
- FOULLEY, J. L., GIANOLA, D., San CRISTOBAL, M., IM, S. A method for assessing extent and sources of heterogeneity of residual variances in mixed linear models. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 6, p. 1612-1624, 1990.
- FREITAS, A. R. de. Avaliação de procedimentos na estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 1, p. 94-102, 2000.
- FRIES, L. A. Dos desvios das médias dos grupos de contemporâneos aos modelos animais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 3, p. 480-489, 1999.
- GARRICK, D. J., VAN VLECK, L. D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. **Journal of Animal Science**, v. 65, n. 2, p. 409-421, 1987.
- GARRICK, D. J., POLLAK, R. L., QUAAS, R. L., VAN VLECK, L. D. Variance heterogeneity in direct and maternal weight traits by sex percent purebred for Simmental-sired calves. **Journal of Animal Science**, v. 67, n. 10, p. 2515-2528, 1989.
- GIANOLA, D. Selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theoretical Applied Genetic**, v. 72, n. 5, p. 671-677, 1986.
- GIANOLA, D., IM, S., FERNANDO, R.L., FOULLEY, J.L. Mixed model methodology and the box-cox theory of transformations: a bayesian approach. In: GIANOLA, D. HAMMOND, K. (Eds.). **ADVANCES IN STATISTICAL METHODS FOR GENETIC IMPROVEMENT OF LIVESTOCK**. Berlin: Springer-Verlag, 1990. p. 15-40.
- GIANOLA, D., FOULLEY, J. L., FERNANDO, R. L., HENDERSON, C. R., WEIGEL, K. A. Estimation of heterogeneous variances using empirical bayes methods: theoretical considerations. **Journal of Dairy Science**, v. 75, n. 10, p. 2805-2823, 1992.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biological Review**, v. 22, n. 2, p. 195-213, 1947.
- HENDERSON, C. R. **Application of linear models in animal breeding**. Ithaca: University of Guelf, 1984. 462 p.
- HENDERSON, C. R., QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v. 43, n. 6, p. 1188-1197, 1976.

- HILL, W. G. On selection among groups with heterogeneous variance. **Animal Production**, v. 39, n. 3, p. 473-477, 1984.
- HILL, W. G., EDWARDS, M. R., AHMED, M. K. A., THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. **Animal Production**, v.36, n.1, p. 59-68, 1983.
- IBAÑEZ, M. A., CARABAÑO, M. J., FOULLEY, J. L., ALENDA, R. Heterogeneity of herd-period phenotypic variances in the Spanish holstein-friesian cattle: sources of heterogeneity and genetic evaluation. **Livestock Production Science**, v. 45, n. 01, p. 137-147, 1996.
- KACHMAN, S. D., EVERETT, R. W. A multiplicative mixed model when the variances are heterogeneous. **Journal of Dairy Science**, v. 76, n. 3, p. 859-867, 1993.
- LEE, K. Avaliações genéticas mudaram ao longo dos anos. São Paulo – SP. **Gado Holandês**, v. 56, n. 171, p. 11- 18, 1990.
- LEGATES, J.E. Heritability of fat yields in herds with different production levels. **Journal of Dairy Science**, v. 45, n. 8, p. 990-993, 1962.
- LÔBO, R.B. **Programa de melhoramento da raça nelore**. Ribeirão Preto:USP, Departamento de Genética. 1996. 54 p.
- LOFGREN, D. J., VINSON, W. E., PEARSON, R. E. et al. Heritability of milk yield at different herd means and variance for production **Journal of Dairy Science**, v. 68, n. 10, p. 2737-2739, 1985.
- MARCONDES, C. R. **Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça nelore**. Belo Horizonte: UFMG, Escola de Veterinária, 1999. 93 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Minas Gerais.
- MARION, A. E., RORATO, P. R. N., EVERLING, D. M. et al. Estudo da heterogeneidade de variâncias para produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Rio Grande do Sul. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000a. p. 227.
- MARION, A. E., RORATO, P. R. N., FERREIRA, G. B. B., et al. Ajuste para heterogeneidade de variâncias para as características produtivas em diferentes rebanhos da raça Holandesa de diferentes níveis de produção. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000b. p. 190.
- MARTINS, E. N, LOPES, P. S., SILVA, M. A, TORRES Jr, R. A A. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 117 p. (Cadernos didáticos).
- MASCIOLI, A. S., ALENCAR, M. M., FREITAS, A. R., MARTINS, E. N. Interação genótipo x ambiente para características de crescimento até os 12 meses de idade em bovinos Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA

- SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000a. p.238.
- MASCIOLI, A. S., FREITAS, A. R., ALENCAR, M. M., MARTINS, E. N. Uso da análise bayesiana no estudo da interação genótipo x ambiente de características de pesos de bovinos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000b. p. 251.
- MASON, I. L., ROBERTSON, A. The progeny test of dairy bulls at different levels of production. **Journal Agriculture Science**, v. 47, pt. 1, p. 367-375, 1956.
- MEINERT, T. R., PEARSON, R. E., VINSON, W. E., CASSELL, B. G. Prediction of daughter's performance from dam's cow index adjusted for within-herd variance. **Journal of Dairy Science**, v. 71, n. 8, p. 2220-2231, 1988.
- MERCADANTE, M. E. Z., LÔBO, R. B. Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 26, n. 4, p. 1124-1133, 1997.
- MERCADANTE, M. E. Z., LÔBO, R. B., OLIVEIRA, H. N. Estimativas de (co)variâncias entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 997-1004, 2000.
- MEUWISSEN, T. H. E., VAN DER WERF, J. H. J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. **Livestock Production Science**, v. 33, p. 31-41, 1993.
- MEUWISSEN, T. H. E., JONG, G., ENGEL, B. Joint estimation of breeding values and heterogeneous variances of large data sets. **Journal of Dairy Science**, v. 79, n. 2, p. 310-316, 1996.
- MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. **Livestock Production Science**, v. 52, n. 3, p. 187-199, 1997.
- MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetic Selection Evolution**, v. 23, n. 1, p. 67-83, 1991.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 31, n. 1, p. 179-191, 1992.
- MEYER, K., CARRICK, M. J., DONNLEY, B. J. P. Genetic parameters for milk production of australian beef cows and weaning weight of their calves. **Journal of Animal Science**, v. 72, n. 5, p. 1155-1165, 1994.

- MIRANDE, S. L., VAN VLECK, L. D. Trends in genetic and phenotypic variances for milk production. **Journal of Dairy Science**, v. 68, n. 9, p. 2278-2286, 1985.
- NASHOLM, A., DANELL, O. Genetic relationships of lamb weight, maternal ability, and mature ewe weight in swedish finewool sheep. **Journal of Animal Science**, v. 74, n. 2, p. 329-339, 1996.
- NORMAN, H. D. Factors that should be considered in a national sire summary model. **Journal of Dairy Science**, v.57, n.7, p. 955-962, 1974.
- NOTTER, D. R., TIER, B., THRIFT, F. A. Sire x herd interaction for weaning weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 70, n. 8, p. 2359-2365, 1992.
- POLLAK, E. J. Genetic evaluation of beef cattle from performance. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE PRODUÇÃO ANIMAL, I, 1983, Ribeirão Preto. **Anais...** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1983. p. 73-82.
- POWELL, R. L., NORMAN, H. D., WEILAND, B. T. Cow evaluation at different milk yields of herds. **Journal of Dairy Science**, v. 66, n. 1, p. 148-154, 1983.
- RAMOS, A. A., VALÊNCIA, E. F. T., WECHSLER, F. S., et al. Heterogeneidade de variâncias das características de produção de bovinos da raça holandesa no trópico. I. Estratificação por produção de rebanho. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza. **Anais...**Fortaleza: SBZ, 1996. p. 71-73.
- RAO, C. R. **Linear statistical inference and applications**. 2. ed., New York: John Wiley e Sons, 1973. 552 p.
- REIS, J. de C., LÔBO, R. B. **Interação genótipo-ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: J.C.R./R.B.L., 1991. 194p.
- ROBERTSON, A., O'CONNOR, L. K., EDWARDS, J. Progeny testing dairy bulls at different management levels. **Animal Production**, v. 2, n. 2, p. 141-152, 1960.
- ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of australian angus cattle. **Livestock Production Science**, v. 45, n. 1, p. 1-11, 1996a.
- ROBINSON, D. L. Models which might explain negative correlations between direct and maternal genetic effects. **Livestock Production Science**, v. 45, n. 1, p. 111-122, 1996b.
- ROBINSON, O. W. The influence of maternal effects on the efficiency of selection: a review. **Livestock Production Science**, v. 8, n. 1, p. 121-137, 1981.
- SAKAGUTI, E. S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça tabapuã**. Viçosa, MG: UFV, 2000. 81 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Federal de Viçosa, 2000.

- SCARPATI, M. T. V., LÔBO, R. B. Modelos animais alternativos para estimação de componentes de (co)variâncias e de parâmetros genéticos e fenotípicos do peso aos nascer na raça nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 3, p. 512-518, 1999.
- SCHAEFFER, L. R., HENDERSON, C. R. Contributions to predicting genetic merit. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 11, p. 4052-4066, 1991.
- SEARLE, S. R. **Linear models**. New York: John Wiley & Sons. 1971. 532 p.
- SHORT, T. H., BLAKE, R. W., QUAAS, R. L., VAN VLECK, L. D. Heterogeneous within-herd variance. I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of grade holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 11, 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. **Livestock Production Science**, v. 33, n. 4, p. 67-75, 1993.
- SOUSA, W. H., PEREIRA, C. S., BERGMANN, J. A. G., SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 6, p. 1252-1262, 1999.
- STANTON, T. L., BLAKE, R. W., QUAAS, R. L., VAN VLECK, L. D., CARABAÑO, M. J. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico and Porto Rico. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 5, p. 1700-1714, 1991.
- SULLIVAN, P. G., SCHAEFFER, L. R. Regional heterogeneity of variance and its effects on canadian holstein sire evaluation. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 69, n. 5, p. 605-612, 1989.
- SWALWE, H. H. Estimation of direct and maternal (co)variance components for growth traits in australian simmental beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 71, n. 1, p. 241-248, 1993.
- TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil**. Belo Horizonte: UFMG, Escola de Veterinária, 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.
- TORRES, R. A., BERGMANN, J. A. G, COSTA, C. N., PEREIRA, C. S., VALENTE, J., PENNA, V. M., TORRES FILHO, R. A. Ajustamento de variâncias para a produção de leite entre rebanhos da raça holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 2, p. 295-303, 1999.
- TORRES, R. A., BERGMANN, J. A. G, COSTA, C.N., PEREIRA, C. S., VALENTE, J., PENNA, V. M., TORRES FILHO, R. A., ARAÚJO, C. V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 1050-1059, 2000.
- VALENCIA, E. F. T., RAMOS, A. A., WECHSLER, F. S., GONÇALVES, H. C. Heterogeneidade dos componentes de variância na produção de leite de

- rebanhos dos estados de São Paulo e Paraná, Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35, 1998, Botucatu. **Anais...** Botucatu SBZ, 1998. p. 488-490.
- VAN DER WERF, J. H. J., MEUWISSEN, T. H. E., DE JONG, G. Effects of correction of variance on bias and accuracy of breeding value estimation in dutch dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 10, p.3174-3184, 1994.
- VAN VLECK, L. D. Genotype and environment in sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 46, n. 7, p. 983-987, 1963.
- VAN VLECK, L. D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. **Journal of Dairy Science**, v. 70, n. 1, p. 337-344, 1987.
- VAN VLECK, L. D., BRADFORD, G. E. Heritability of milk yield at different environment levels. **Animal Production**, v. 6, n. 1, p. 285-293, 1964.
- VAN VLECK, L. D., DONG, M. C. Genetic (co)variances for milk, fat and protein yield in holsteins using na animal model. **Journal of Dairy Science**, v. 71, n. 11, p. 3040-3046, 1988.
- VAN VLECK, L. D., St. LOUIS, D., MILLER, J. Expected phenotypic response in weaning weight of beef calves from selection for direct and maternal genetic effects. **Journal of Animal Science**, v. 44, n. 3, p. 360-367, 1977.
- VAN VLECK, L. D., COX, L. R., MIRANDE, S. L. Heritability estimates of milk production from daughter on dam regression by year and management level. **Journal of Dairy Science**, v. 68, n. 11, p. 2964-2969, 1985.
- VINSON, W. E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. **Journal of Dairy Science**, v. 70, n. 11, p. 2450-2455, 1987.
- VISSCHER, P. M. On the estimation of variances within herd-mean production groups. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 6, p. 1987-1992, 1991.
- VISSCHER, P. M., HILL, W. G. Heterogeneity of variance and dairy cattle breeding. **Animal Production**, v. 55, p. 321-329, 1992.
- VISSCHER, P. M., THOMPSON, R., HILL, W. G. Estimation of genetic and environmental variances for fat yield in herds and investigation into heterogeneity of variances between herds. **Livestock production Science**, v. 28, n. 01, p. 273-290, 1991.
- WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Estimation of heterogeneous within-herd variance components using empirical bayes methods: a simulation study. **Journal of Dairy Science**, v. 75, n. 10, p. 2824-2833, 1992.
- WEIGEL, K. A., GIANOLA, D. A computationally simple bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. **Journal of Dairy Science**, v. 76, n. 5, p. 1455-1465, 1993.
- WELLER, J.I., RON, M., BAR-ANAN, R. Accounting for environmentally dependent variances components in BLUP sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 68, n. 1, p. 212-213, 1985.

- WIGGANS, G. R., VAN RADEN, P. M. Method and effect of adjustment for heterogeneous variance. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 12, p. 4350-4357, 1991.
- WILLHAM, R. L. The role of maternal effects in animal breeding. III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. **Journal of Animal Science**, v. 35, n. 6, p. 1288-1293, 1972.
- WINKELMAN, A., SCHAEFFER, L. R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 71, n. 11, p. 3033-3039, 1988.

## **7. APÊNDICE**

Tabela 1A - Valores genéticos dos 30 melhores touros, obtidos de análises de característica única geral sem (VGsm) e com (VG-cm) efeitos maternos, respectivamente, com pesos corrigidos aos 120, 240 e 420 dias de idade (a posição que o touro ocupa é apresentada entre parêntese)

Peso a 120 dias de idade			Peso a 240 dias de idade			Peso a 420 dias de Idade		
Touro	VG-sm	VG-cm	Touro	VG-sm	VG-cm	Touro	VG-sm	VG-cm
87115	22,1 (1)	16,2 (2)	86368	31,4 (1)	25,4 (1)	75742	30,1 (1)	27,8 (1)
79183	20,7 (2)	17,3 (1)	91707	27,5 (2)	19,0 (6)	69490	27,0 (2)	23,1 (2)
91428	19,5 (3)	14,6 (3)	82031	27,3 (3)	18,0 (10)	63727	24,7 (3)	22,7 (3)
88237	16,6 (4)	13,0 (5)	62415	27,2 (4)	23,9 (2)	71972	24,4 (4)	21,2 (6)
62595	16,0 (5)	11,0 (10)	77040	27,0 (5)	17,2 (11)	62415	24,1 (5)	22,4 (4)
88345	15,2 (6)	11,1 (9)	79915	24,7 (6)	20,1 (4)	91428	23,4 (6)	19,5 (10)
81083	14,8 (7)	13,7 (4)	89777	24,5 (7)	19,1 (5)	94739	22,4 (7)	18,7 (15)
75742	14,2 (8)	12,3 (6)	76297	24,5 (8)	18,0 (9)	88269	21,7 (8)	20,3 (8)
76297	14,0 (9)	9,2 (26)	62595	24,2 (9)	15,1 (22)	68719	21,4 (9)	16,7 (18)
86368	13,9 (10)	10,9 (11)	75742	24,2 (10)	20,3 (3)	86368	21,2 (10)	18,9 (13)
79915	13,6 (11)	11,7 (7)	79183	23,4 (11)	18,3 (8)	77040	21,2 (11)	18,1 (16)
75978	13,3 (12)	8,8 (29)	67281	22,3 (12)	15,3 (20)	59816	20,8 (12)	20,0 (9)
83323	13,2 (13)	10,1 (17)	94616	22,0 (13)	15,7 (18)	86412	20,6 (13)	19,5 (11)
64594	12,8 (14)	9,5 (22)	68783	21,6 (14)	15,5 (19)	68141	20,6 (14)	21,6 (5)
87116	12,8 (15)	8,7 (31)	60197	21,4 (15)	18,3 (7)	52406	20,1 (15)	20,4 (7)
91456	12,7 (16)	9,9 (19)	73428	21,0 (16)	16,7 (14)	67758	20,1 (16)	19,0 (12)
54015	12,6 (17)	8,7 (32)	78520	20,8 (17)	11,1 (42)	79915	20,0 (17)	18,8 (14)
79977	12,5 (18)	8,3 (37)	85836	20,8 (18)	16,4 (15)	85836	18,7 (18)	17,5 (17)
93212	12,5 (19)	10,5 (14)	66371	20,2 (19)	13,9 (27)	71192	18,4 (19)	16,6 (19)
50068	12,4 (20)	11,7 (8)	88269	20,0 (20)	17,4 (12)	55899	18,3 (20)	16,5 (20)
95844	11,9 (21)	5,3 (89)	56735	19,9 (21)	15,1 (21)	62512	17,9 (21)	16,4 (21)
87152	11,8 (22)	10,0 (18)	83323	19,7 (22)	14,1 (26)	63975	17,9 (22)	13,9 (35)
81950	11,6 (23)	9,8 (20)	62512	18,9 (23)	16,9 (13)	94751	17,3 (23)	15,2 (24)
50618	11,6 (24)	10,3 (16)	75978	18,8 (24)	11,5 (37)	87116	17,2 (24)	14,5 (30)
77040	11,5 (25)	8,4 (36)	94751	18,7 (25)	12,1 (33)	69039	17,0 (25)	15,6 (23)
64303	11,4 (26)	10,8 (13)	85497	18,6 (26)	10,3 (51)	81083	17,0 (26)	16,1 (22)
54713	11,4 (27)	8,9 (28)	63975	18,3 (27)	11,1 (43)	66342	16,8 (27)	14,7 (28)
75671	11,4 (28)	10,8 (12)	90662	18,0 (28)	9,4 (61)	64136	16,5 (28)	14,8 (26)
68110	11,3 (29)	10,4 (15)	81083	17,9 (29)	16,1 (16)	87115	16,5 (29)	13,9 (36)
73404	11,0 (30)	8,4 (35)	67758	17,4 (30)	14,6 (25)	91707	16,4 (30)	14,6 (29)

Tabela 2A - Valores genéticos dos 30 melhores touros, obtidos de análises de característica única geral (VG<sub>geral</sub>) e de análises conjuntas (VG<sub>conj</sub>), envolvendo combinações do peso corrigido aos 120 dias com pesos corrigidos aos 240 e 420 dias de idade, ambas com efeito materno no modelo (a posição que o touro ocupa é apresentada entre parêntese)

Peso a 120 dias de idade			Peso a 240 dias de idade			Peso a 420 dias de idade		
Touro	VG-geral	VG-conj	Touro	VG-geral	VG-conj	Touro	VG-geral	VG-conj
79183	17,3 (1)	23,0 (2)	86368	25,4 (1)	32,3 (1)	75742	27,8 (1)	32,3 (1)
87115	16,2 (2)	23,3 (1)	62415	23,9 (2)	26,3 (7)	69490	23,1 (2)	31,3 (3)
91428	14,6 (3)	19,8 (3)	75742	20,3 (3)	24,4 (11)	63727	22,7 (3)	24,6 (10)
81083	13,7 (4)	15,9 (9)	79915	20,1 (4)	27,3 (4)	62415	22,4 (4)	24,0 (13)
88237	13,1 (5)	16,3 (7)	89777	19,1 (5)	24,9 (10)	68141	21,6 (5)	19,1 (30)
75742	12,3 (6)	15,0 (12)	91707	19,0 (6)	27,2 (5)	71972	21,2 (6)	23,2 (15)
79915	11,7 (7)	15,8 (10)	60197	18,3 (7)	19,5 (23)	52406	20,4 (7)	19,4 (29)
50068	11,7 (8)	12,7 (23)	79183	18,3 (8)	31,3 (2)	88269	20,3 (8)	23,8 (14)
88345	11,1 (9)	12,72 (21)	76297	18,0 (9)	29,2 (3)	59816	20,0 (9)	19,5 (27)
62595	11,0 (10)	17,0 (4)	82031	18,0 (10)	18,2 (31)	91428	19,5 (10)	32,0 (2)
86368	10,9 (11)	16,5 (5)	77040	17,9 (11)	25,6 (9)	86412	19,5 (11)	24,6 (9)
75671	10,8 (12)	13,3 (18)	88269	17,4 (12)	21,0 (15)	67758	19,9 (12)	21,7 (20)
64303	10,8 (13)	11,7 (30)	62512	16,9 (13)	19,1 (26)	86368	18,9 (13)	25,6 (7)
93212	10,5 (14)	13,3 (17)	73428	16,7 (14)	20,8 (16)	79915	18,7 (14)	24,2 (12)
68110	10,4 (15)	11,9 (27)	85836	16,3 (15)	20,2 (20)	94739	18,7 (15)	22,1 (19)
50618	10,3 (16)	11,7 (28)	81083	16,1 (16)	20,5 (19)	77040	18,1 (16)	25,2 (8)
83323	10,1 (17)	14,7 (13)	68141	16,0 (17)	17,0 (35)	85836	17,5 (17)	20,0 (25)
87152	10,0 (18)	9,4 (54)	94616	15,7 (18)	19,0 (28)	68719	16,7 (18)	17,0 (43)
91456	9,9 (19)	12,1 (25)	68783	15,5 (19)	20,7 (18)	71192	16,6 (19)	14,5 (71)
81950	9,8 (20)	10,4 (41)	67281	15,3 (20)	19,0 (27)	55899	16,6 (20)	16,5 (51)
86412	9,7 (21)	12,9 (19)	56735	15,1 (21)	18,9 (29)	62512	16,4 (21)	16,7 (45)
64594	9,5 (22)	14,4 (15)	62595	15,1 (22)	26,7 (6)	81083	16,1 (22)	20,2 (24)
63549	9,5 (23)	11,0 (36)	52406	14,9 (23)	16,1 (41)	69039	15,6 (23)	16,2 (54)
64125	9,3 (24)	12,7 (22)	51564	14,7 (24)	15,8 (45)	94751	15,2 (24)	9,9 (120)
75518	9,3 (25)	11,6 (31)	67758	14,6 (25)	18,5 (30)	75518	15,0 (25)	18,2 (36)
76297	9,2 (26)	15,9 (8)	83323	14,1 (26)	22,1 (14)	64136	14,8 (26)	18,4 (34)
91497	9,1 (27)	8,5 (67)	66371	13,9 (27)	19,2 (25)	72003	14,7 (27)	17,0 (42)
54713	8,9 (28)	10,8 (38)	54559	13,5 (28)	12,8 (70)	66342	14,7 (28)	18,3 (35)
75978	8,8 (29)	16,4 (6)	75518	12,9(29)	15,6 (47)	91707	14,6 (29)	20,3 (23)
51956	8,8 (30)	9,3 (56)	59816	12,6 (30)	13,8 (58)	87116	14,5 (30)	27,2 (6)

Tabela 3A – Valores genéticos dos 30 melhores touros, obtidos de análises de característica única geral (VGgeral) e de análises de múltiplas características, para peso aos 120 dias de idade, considerado como característica distinta nas classes de baixo(VG-B), médio (VG-M) e alto desvios-padrão fenotípicos (VG-A), ambas sem efeitos maternos (a posição que o touro ocupa é apresentada entre parêntese)

Peso corrigido aos 120 dias de idade								
Touro	VGgeral	VG -B	Touro	VGgeral	VG-M	Touro	VGgeral	VG-A)
87115	22,1 (1)	13,3 (2)	87115	22,1 (1)	19,5 (2)	87115	22,1 (1)	28,0 (1)
91428	19,5 (2)	14,3 (1)	79183	20,7 (2)	17,2 (4)	79183	20,7 (2)	26,9 (2)
88237	16,6 (3)	12,6 (4)	91428	19,5 (3)	21,5 (1)	91428	19,5 (3)	23,7 (3)
62595	16,0 (4)	10,7 (9)	88237	16,6 (4)	17,5 (3)	88237	16,6 (4)	19,5 (5)
88345	15,2 (5)	8,1 (25)	62595	16,0 (5)	13,2 (15)	62595	16,0 (5)	19,7 (4)
81083	14,8 (6)	6,4 (45)	88345	15,2 (6)	12,8 (18)	88345	15,2 (6)	18,9 (7)
75742	14,2 (7)	10,5 (10)	81083	14,8 (7)	13,9 (10)	81083	14,8 (7)	17,9 (8)
86368	13,9 (8)	10,2 (12)	75742	14,2 (8)	17,2 (5)	75742	14,2 (8)	14,7 (22)
75978	13,3 (9)	7,6 (33)	76297	14,0 (9)	14,1 (9)	76297	14,0 (9)	16,2 (16)
83323	13,2 (10)	10,1 (14)	86368	13,9 (10)	14,4 (6)	86368	13,9 (10)	17,2 (11)
64594	12,9 (11)	7,1 (38)	79915	13,6 (11)	11,6 (26)	79915	13,6 (11)	14,9 (19)
87116	12,8 (12)	6,0 (53)	83323	13,2 (12)	13,7 (13)	75978	13,3 (12)	17,2 (10)
91456	12,7 (13)	12,7 (3)	64594	12,9 (13)	10,8 (31)	83323	13,2 (13)	14,6 (24)
54015	12,6 (14)	10,4 (11)	87116	12,8 (14)	10,6 (33)	64594	12,9 (14)	16,8 (12)
79977	12,6 (15)	5,8 (60)	91456	12,7 (15)	13,3 (14)	87116	12,8 (15)	19,0 (6)
50068	12,4 (16)	12,3 (5)	54015	12,6 (16)	14,4 (7)	91456	12,7 (16)	13,0 (35)
87152	11,8 (17)	10,0 (15)	93212	12,5 (17)	8,9 (49)	79977	12,5 (17)	14,8 (21)
50618	11,6 (18)	11,3 (8)	50068	12,4 (18)	13,1 (16)	93212	12,5 (18)	14,6 (23)
77040	11,5 (19)	11,6 (6)	95844	11,9 (19)	14,2 (8)	95844	11,9 (19)	13,7 (27)
64303	11,4 (20)	6,3 (47)	81950	11,6 (20)	7,3 (64)	87152	11,8 (20)	14,3 (25)
54713	11,4 (21)	9,0 (19)	50618	11,6 (21)	12,9 (17)	81950	11,6 (21)	16,5 (15)
75671	11,4 (22)	8,3 (23)	77040	11,5 (22)	12,4 (20)	50618	11,6 (22)	9,3 (73)
68110	11,3 (23)	8,6 (21)	64303	11,4 (23)	10,8 (32)	64303	11,4 (23)	15,3 (18)
73404	11,0 (24)	4,8 (79)	54713	11,4 (24)	13,9 (12)	75671	11,4 (24)	17,8 (9)
76135	10,7 (25)	6,3 (48)	75671	11,4 (25)	10,5 (34)	68110	11,3 (25)	12,9 (36)
62415	10,7 (26)	10,1 (13)	68110	11,3 (26)	12,7 (19)	73404	11,0 (26)	13,5 (32)
70795	10,3 (27)	9,4 (17)	76135	10,7 (27)	8,1 (57)	76135	10,7 (27)	13,9 (26)
64125	10,2 (28)	8,1 (26)	62415	10,7 (28)	10,2 (39)	62415	10,7 (28)	11,3 (51)
75518	10,2 (29)	7,3 (37)	86412	10,6 (29)	9,0 (48)	86412	10,6 (29)	13,2 (33)
63727	10,0 (30)	7,1 (39)	94610	10,4 (30)	9,2 (43)	94610	10,4 (30)	13,1 (34)

Tabela 4A – Valores genéticos dos 30 melhores touros, obtidos de análises de característica única geral (VG<sub>geral</sub>) e de análises de múltiplas características, para peso aos 240 dias de idade, considerado como característica distinta nas classes de baixo(VG-B), médio (VG-M) e alto desvios-padrão fenotípicos (VG-A), ambas sem efeitos maternos (a posição que o touro ocupa é apresentada entre parêntese)

Peso corrigido aos 240 dias de idade								
Touro	VG <sub>geral</sub>	VG-B	Touro	VG <sub>geral</sub>	VG-M	Touro	VG <sub>geral</sub>	VG-A
86368	31,4 (1)	24,7 (1)	86368	31,4 (1)	31,0 (1)	86368	31,4 (1)	36,7 (1)
62415	27,2 (2)	21,1 (5)	91707	27,5 (2)	23,5 (10)	91707	27,5 (2)	32,6 (2)
77040	26,7 (3)	24,2 (2)	82031	27,3 (3)	26,1 (5)	82031	27,3 (3)	31,3 (4)
89777	24,6 (4)	22,6 (3)	62415	27,2 (4)	27,1 (3)	62415	27,2 (4)	29,2 (7)
62595	24,2 (5)	17,1 (14)	77040	26,7 (5)	25,9 (6)	79915	24,7 (5)	27,9 (9)
75742	24,2 (6)	20,8 (7)	79915	24,7 (6)	17,4 (34)	76297	24,5 (6)	24,6 (14)
60197	21,4 (7)	17,9 (12)	89777	24,6 (7)	30,0 (2)	62595	24,2 (7)	32,4 (3)
73428	21,0 (8)	17,9 (13)	76297	24,5 (8)	26,9 (4)	75742	24,2 (8)	29,9 (5)
78520	20,8 (9)	18,1 (11)	62595	24,2 (9)	15,6 (44)	79183	23,4 (9)	29,4 (6)
85836	20,8 (10)	10,6 (57)	75742	24,2 (10)	21,7 (13)	67281	22,3 (10)	21,4 (20)
66371	20,2 (11)	18,3 (10)	79183	23,4 (11)	21,5 (14)	94616	22,1 (11)	25,5 (11)
88269	20,0 (12)	16,3 (20)	67281	22,3 (12)	23,6 (9)	68783	21,6 (12)	22,6 (18)
56735	19,9 (13)	21,4 (4)	94616	22,1 (13)	22,8 (11)	60197	21,4 (13)	26,0 (10)
83323	19,7 (14)	16,3 (19)	68783	21,6 (14)	19,9 (17)	73428	21,0 (14)	25,3 (12)
62512	18,9 (15)	13,3 (40)	60197	21,4 (15)	19,8 (19)	78520	20,8 (15)	24,7 (13)
75978	18,8 (16)	14,0 (35)	73428	21,0 (16)	17,6 (31)	85836	20,8 (16)	24,6 (15)
85497	18,6 (17)	15,8 (23)	85836	20,8 (17)	13,8 (59)	66371	20,2 (17)	16,1 (35)
63975	18,3 (18)	13,5 (38)	66371	20,2 (18)	25,4 (8)	88269	20,0 (18)	23,0 (17)
90662	18,0 (19)	19,0 (8)	88269	20,0 (19)	17,5 (33)	56735	19,9 (19)	21,0 (23)
81083	17,9 (20)	13,4 (39)	56735	19,9 (20)	16,1 (40)	83323	19,7 (20)	20,2 (26)
67758	17,4 (21)	18,5 (9)	83323	19,7 (21)	19,5 (22)	62512	18,9 (21)	19,5 (28)
83525	17,1 (22)	15,8 (24)	62512	18,9 (22)	19,8 (18)	75978	18,8 (22)	21,4 (21)
52406	17,0 (23)	21,0 (6)	94751	18,7 (23)	21,2 (15)	94751	18,7 (23)	20,4 (24)
54015	17,0 (24)	16,2 (21)	63975	18,3 (24)	22,5 (12)	85497	18,6 (24)	23,1 (16)
87115	17,0 (25)	12,2 (46)	81083	17,9 (25)	25,7 (7)	63975	18,3 (25)	28,5 (8)
60254	16,9 (26)	15,7 (25)	67758	17,4 (26)	15,4 (45)	90662	18,0 (26)	17,2 (30)
68787	15,9 (27)	12,1 (47)	83525	17,1 (27)	16,4 (38)	81083	17,9 (27)	15,5 (41)
91428	15,6 (28)	15,9 (22)	52406	17,0 (28)	17,3 (35)	67758	17,4 (28)	16,0 (37)
54559	15,5 (29)	15,2 (28)	54015	17,0 (29)	18,3 (27)	83525	17,1 (29)	21,2 (22)
90847	15,4 (30)	10,1 (64)	87115	17,0 (30)	13,5 (60)	52406	17,0 (30)	15,8 (39)

Tabela 5A – Valores genéticos dos 30 melhores touros, obtidos de análises de característica única geral (VGgeral) e de análises de múltiplas características, para peso aos 420 dias de idade, considerado como característica distinta nas classes de baixo(VG-B), médio (VG-M) e alto desvios-padrão fenotípicos (VG-A), ambas sem efeitos maternos (a posição que o touro ocupa é apresentada entre parêntese)

Peso corrigido aos 420 dias de idade								
Touros	VGgeral	VG-B	Touros	VGgeral	VG-M	Touros	VGgeral	VG-A
75742	30,1 (1)	27,0 (1)	75742	30,1 (1)	31,3 (1)	75742	30,1 (1)	31,0 (1)
69490	27,0 (2)	25,2 (2)	69490	27,0 (2)	30,3 (2)	69490	27,0 (2)	25,7 (2)
63727	24,7 (3)	22,7 (5)	63727	24,7 (3)	27,4 (3)	71972	24,4 (3)	19,8 (11)
71972	24,4 (4)	24,5 (4)	62415	24,1 (4)	26,7 (6)	62415	24,1 (4)	23,5 (4)
62415	24,1 (5)	21,6 (7)	91428	23,4 (5)	27,0 (5)	91428	23,4 (5)	19,6 (14)
91428	23,4 (6)	22,1 (6)	94739	22,4 (6)	25,2 (7)	94739	22,4 (6)	21,5 (9)
94739	22,4 (7)	20,5 (8)	88269	21,7 (7)	23,5 (10)	88269	21,7 (7)	22,6 (5)
88269	21,7 (8)	18,6 (13)	68719	21,4 (8)	22,1 (14)	86368	21,2 (8)	25,6 (3)
68719	21,4 (9)	17,3 (14)	86368	21,2 (9)	20,8 (17)	86412	20,6 (9)	18,6 (18)
86368	21,2 (10)	16,5 (18)	77040	21,2 (10)	23,2 (12)	68141	20,6 (10)	18,5 (19)
77040	21,2 (11)	19,5 (9)	59816	20,8 (11)	24,7 (9)	52406	20,1 (11)	14,8 (35)
59816	20,8 (12)	19,0 (12)	86412	20,6 (12)	23,5 (11)	67758	20,1 (12)	18,0 (21)
68141	20,6 (13)	19,5 (10)	68141	20,6 (13)	25,1 (8)	79915	20,0 (13)	21,7 (8)
52406	20,1 (14)	24,7 (3)	52406	20,1 (14)	27,1 (4)	85836	18,7 (14)	22,2 (6)
67758	20,1 (15)	19,4 (11)	67758	20,1 (15)	22,9 (13)	71192	18,4 (15)	18,2 (20)
85836	18,7 (16)	10,5 (52)	79915	20,0 (16)	19,4 (23)	62512	17,9 (16)	16,8 (25)
71192	18,4 (17)	17,1 (16)	85836	18,7 (17)	14,0 (50)	63975	17,7 (17)	17,6 (23)
55899	18,3 (18)	16,8 (17)	71192	18,4 (18)	19,5 (22)	94751	17,3 (18)	14,4 (37)
62512	17,9 (19)	16,2 (21)	55899	18,3 (19)	21,9 (15)	87116	17,2 (19)	22,1 (7)
63975	17,7 (20)	16,2 (20)	62512	17,9 (20)	19,8 (21)	69039	17,0 (20)	16,2 (26)
87116	17,2 (21)	12,0 (41)	63975	17,7 (21)	20,6 (18)	81083	17,0 (21)	19,1 (15)
69039	17,0 (22)	15,3 (23)	94751	17,3 (22)	20,2 (19)	66342	16,8 (22)	17,9 (22)
81083	17,0 (23)	12,9 (36)	87116	17,2 (23)	16,1 (23)	64136	16,5 (23)	13,8 (40)
66342	16,8 (24)	15,3 (22)	69039	17,0 (24)	19,0 (25)	87115	16,5 (24)	19,7 (12)
64136	16,5 (25)	16,5 (19)	81083	17,0 (25)	16,9 (31)	91707	16,4 (25)	16,2 (27)
87115	16,5 (26)	11,7 (42)	66342	16,8 (26)	19,3 (24)	72003	16,3 (26)	11,0 (61)
72003	16,3 (27)	17,3 (15)	64136	16,5 (27)	17,7 (28)	75518	16,3 (27)	15,9 (28)
75518	16,3 (28)	13,6 (31)	87115	16,5 (28)	15,3 (43)	69065	16,1 (28)	19,7 (13)
69065	16,1 (29)	8,8 (68)	91707	16,4 (29)	17,5 (29)	88237	15,3 (29)	12,0 (54)
88237	15,3 (30)	15,0 (26)	72003	16,3(30)	21,0 (16)	90847	15,1 (30)	20,2 (10)

Tabela 6A - Valores genéticos dos 30 melhores touros, obtidos de análises de característica única geral (VGgeral) e de análises de característica única, com peso corrigido aos 120 dias de idade nas classes de baixo (VG-B), médio (VG-M) e alto desvios-padrão fenotípicos (VG-A), ambas com efeitos maternos (a posição que o touro ocupa é apresentada entre parêntese)

Peso Corrigido para 120 Dias de Idade								
Touros	VGgeral	VG-B	Touros	VGgeral	VG-M	Touros	VGgeral	VG-A
87115	16,2 (1)	3,5 (81)	79183	17,3 (1)	2,6 (132)	79183	17,3 (1)	18,7 (1)
91428	14,6 (2)	4,7 (55)	87115	16,2 (2)	6,1 (61)	87115	16,2 (2)	17,1 (2)
81083	13,7 (3)	-0,9 (250)	91428	14,6 (3)	13,3 (3)	91428	14,6 (3)	7,6 (45)
88237	13,1 (4)	3,0 (94)	81083	13,7 (4)	13,8 (2)	81083	13,7 (4)	14,3 (3)
75742	12,3 (5)	6,7 (25)	88237	13,1 (5)	13,2 (4)	88237	13,1 (5)	11,8 (12)
50068	11,7 (6)	12,3 (2)	75742	12,3 (6)	14,5 (1)	75742	12,3 (6)	9,5 (29)
88345	11,1 (7)	0,8 (175)	79915	11,7 (7)	6,6 (47)	79915	11,7 (7)	11,8 (13)
62595	11,0 (8)	4,169 (69)	50068	11,7 (8)	9,4 (16)	88345	11,1 (8)	12,3 (8)
86368	10,9 (9)	5,9 (37)	88345	11,1 (9)	5,2 (71)	62595	11,0 (9)	13,4 (4)
75671	10,8 (10)	8,5 (11)	62595	11,0 (10)	1,0 (186)	86368	10,9 (10)	8,2 (40)
64303	10,8 (11)	-0,02 (207)	86368	10,9 (11)	7,7 (34)	75671	10,8 (11)	10,5 (21)
68110	10,4 (12)	6,3 (30)	75671	10,8 (12)	4,0 (93)	64303	10,8 (12)	11,1 (16)
50618	10,3 (13)	10,8 (4)	64303	10,8 (13)	9,0 (18)	93212	10,5 (13)	12,4 (6)
83323	10,1 (14)	4,9 (52)	93212	10,5 (14)	3,4 (114)	68110	10,4 (14)	8,4 (39)
87152	10,0 (15)	9,0 (10)	68110	10,4 (15)	11,1 (5)	50618	10,3 (15)	-1,9 (231)
91456	10,0 (16)	10,4 (7)	50618	10,3 (16)	8,8 (22)	83323	10,1 (16)	5,3 (75)
64594	9,5 (17)	1,7 (140)	83323	10,1 (17)	8,6 (23)	87152	10,0 (17)	6,1 (59)
63549	9,5 (18)	10,9 (3)	91456	10,0 (18)	6,6 (48)	91456	10,0 (18)	3,6 (106)
64125	9,3 (19)	6,7 (26)	81950	9,8 (19)	0,7 (200)	81950	9,8 (19)	12,4 (7)
75518	9,3 (20)	4,7 (54)	86412	9,7 (20)	4,6 (85)	86412	9,7 (20)	10,2 (23)
54713	8,9 (21)	5,0 (49)	64594	9,5 (21)	2,3 (140)	64594	9,5 (21)	10,1 (25)
75978	8,8 (22)	2,1 (116)	63549	9,5 (22)	10,7 (8)	63549	9,5 (22)	-3,0 (257)
51956	8,8 (23)	1,6 (142)	64125	9,3 (23)	6,1 (59)	64125	9,3 (23)	5,5 (69)
87116	8,7 (24)	-0,4 (227)	75518	9,3 (24)	10,5 (10)	75518	9,3 (24)	8,5 (38)
54015	8,7 (25)	4,6 (56)	76297	9,2 (25)	7,8 (31)	76297	9,2 (25)	5,8 (63)
62415	8,5 (26)	10,6 (6)	91497	9,1 (26)	10,0 (11)	91497	9,1 (26)	6,0 (61)
67758	8,5 (27)	4,6 (60)	54713	8,9 (27)	10,5 (9)	75978	8,8 (27)	9,6 (27)
73404	8,4 (28)	0,03 (201)	51956	8,8 (28)	7,8 (33)	51956	8,8 (28)	8,0 (41)
77040	8,4 (29)	10,8 (5)	87116	8,7 (29)	1,7 (154)	87116	8,7 (29)	12,2 (10)
79977	8,3 (30)	0,0 (203)	54015	8,7 (30)	8,0 (29)	62415	8,5 (30)	7,5 (46)

Tabela 7A - Valores genéticos dos 30 melhores touros, obtidos de análises de característica única geral (VGgeral) e de análises de característica única, com peso corrigido aos 240 dias de idade nas classes de baixo (VG-B), médio (VG-M) e alto desvios-padrão fenotípicos (VG-A), ambas com efeitos maternos (a posição que o touro ocupa é apresentada entre parêntese)

Peso corrigido para 240 dias de idade								
Touros	VGgeral	VG-B	Touros	VGgeral	VG-M	Touros	VGgeral	VG-A
86368	25,4 (1)	9,7 (42)	86368	25,4 (1)	15,7 (20)	86368	25,4 (1)	23,3 (6)
62415	23,9 (2)	14,4 (11)	62415	23,9 (2)	22,6 (2)	62415	23,9 (2)	25,1 (4)
75742	20,3 (3)	14,0 (13)	75742	20,3 (3)	14,8 (25)	75742	20,3 (3)	25,5 (3)
89777	19,1 (4)	13,1 (18)	79915	20,1 (4)	7,7 (76)	79915	20,1 (4)	25,9 (1)
60197	18,3 (5)	11,6 (25)	89777	19,1 (5)	21,0 (3)	91707	19,0 (5)	23,9 (5)
77040	17,9 (6)	16,7 (2)	91707	19,0 (6)	1,6 (189)	60197	18,3 (6)	18,6 (11)
88269	17,4 (7)	12,7 (19)	60197	18,3 (7)	14,3 (27)	79183	18,3 (7)	21,8 (8)
62512	16,9 (8)	6,0 (90)	79183	18,3 (8)	10,5 (45)	76297	18,0 (8)	12,9 (29)
73428	16,7 (9)	10,7 (33)	76297	18,0 (9)	19,1 (4)	82031	18,0 (9)	17,5 (14)
85836	16,3 (10)	-2,4 (266)	82031	18,0 (10)	8,9 (60)	88269	17,4 (10)	18,1 (12)
81083	16,1 (11)	2,0 (164)	77040	17,9 (11)	10,5 (46)	62512	16,9 (11)	12,5 (31)
68141	16,0 (12)	13,1 (16)	88269	17,4 (12)	12,4 (35)	73428	16,7 (12)	19,8 (10)
56735	15,1 (13)	15,6 (7)	62512	16,9 (13)	15,8 (19)	85836	16,4 (13)	20,2 (9)
62595	15,1 (14)	7,3 (65)	73428	16,7 (14)	4,5 (127)	81083	16,1 (14)	11,1 (38)
52406	15,0 (15)	18,7 (1)	85836	16,4 (15)	1,9 (182)	68141	16,0 (15)	13,2 (25)
51564	14,8 (16)	8,2 (54)	81083	16,1 (16)	25,3 (1)	94616	15,7 (16)	17,0 (16)
67758	14,6 (17)	15,4 (9)	68141	16,0 (17)	18,3 (8)	68783	15,5 (17)	14,7 (22)
83323	14,0 (18)	5,8 (94)	94616	15,7 (18)	14,2 (28)	67281	15,3 (18)	7,0 (71)
66371	13,9 (19)	7,5 (60)	68783	15,5 (19)	9,5 (55)	56735	15,1 (19)	15,6 (18)
54559	13,5 (20)	14,2 (12)	67281	15,3 (20)	15,6 (22)	62595	15,1 (20)	22,5 (7)
75518	12,9 (21)	9,6 (43)	56735	15,1 (21)	7,0 (86)	52406	15,0 (21)	12,0 (36)
59816	12,6 (22)	16,2 (3)	62595	15,1 (22)	-2,2 (288)	51564	14,8 (22)	2,6 (151)
53996	12,5 (23)	-1,4 (236)	52406	15,0 (23)	12,4 (37)	67758	14,6 (23)	0,3 (195)
69971	12,2 (24)	12,4 (21)	51564	14,8 (24)	18,3 (7)	83323	14,1 (24)	11,0 (39)
75043	12,0 (25)	15,7 (6)	67758	14,6 (25)	13,1 (31)	66371	13,9 (25)	1,1 (183)
83525	11,6 (26)	10,2 (39)	83323	14,1 (26)	10,1 (50)	54559	13,5 (26)	15,1 (21)
52419	11,6 (27)	16,0 (4)	66371	(13,9 27)	16,7 (12)	75518	12,9 (27)	9,5 (48)
75978	11,5 (28)	3,7 (132)	54559	13,5 (28)	6,4 (103)	53996	12,5 (28)	25,7 (2)
63727	11,4 (29)	11,2 (27)	75518	12,9 (29)	15,8 (18)	94751	12,1 (29)	10,9 (10)
60254	11,4 (30)	6,6 (78)	59816	12,6 (30)	7,1 (85)	75043	12,0 (30)	4,1 (122)

