ESTUDO COMPARATIVO DE MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DA VARIÂNCIA DE COEFICIENTE DE HERDABILIDADE

JOAQUIM PEREIRA NETO

Engenheiro Agrônomo

Orientador: PROF. DR. DÉCIO BARBIN

Dissertação apresentada à Escola Superior de
Agricultura "Luiz de Queiroz", da
Universidade de São Paulo, para a obtenção do
título de Mestre em Agronomia, Área de
Concentração: Estatística e Experimentação
Agrônômica.

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

Novembro - 1994

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCLQ/USP

Pereira Neto, Joaquim

P436e   Estudo comparativo de métodos de estimação da variância
de coeficiente de herdabilidade.   Piracicaba, 1994.
80p. ilustr.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Análise de variância 2. Estatística aplicada 3.
Herdabilidade I. Escola Superior de Agricultura Luiz de
Queiroz, Piracicaba

CDD   519.535
575.1

ESTUDO COMPARATIVO DE MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DA VARIÂNCIA DE COEFICIENTE DE HERDABILIDADE

JOAQUIM PEREIRA NETO

Aprovada em: 04.11.94

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Décio Barbin

ESALQ/USP

Profa. Dra. Clarice Garcia Borges Demétrio

ESALQ/USP

Prof. Dr. Sérgio do Nascimento Kronka

FACAV/UNESP

Prof. Dr. DÉCIO BARBIN
Orientador

Este trabalho é dedicado

Aos meus pais,

Sancha e Antônio, pelo amor que me dedicaram.

À minha esposa,

Cida,

Às minhas filhas,

Jamille e Amanda, razão da minha dedicação.

AGRADECIMENTOS

À Faculdade de Agronomia do Médio São Francisco, pela oportunidade.

À Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", ESALQ, através do Departamento de Matemática e Estatística.

À CAPES, através do PICD pela bolsa de estudo concedida.

Ao Prof. Titular do Departamento de Matemática e Estatística da ESALQ, Dr. Décio Barbin pela orientação e sempre aberto ao diálogo.

À Profa. do Departamento de Matemática e Estatística da ESALQ, Dra. Clarice Garcia Borges Demétrio, pela amizade e atenção dedicada.

Aos professores do Departamento de Matemática e Estatística da ESALQ, pelos ensinamentos.

Ao amigo e colega da Faculdade de Agronomia do Médio São Francisco, Prof. Joston Simão de Assis pelo incentivo.

Ao amigo do Curso de Doutorado, João Gil de Luna e sua esposa, sempre presentes a apoiar-me.

Aos amigos e colegas de Curso, Valdomiro, Marcos, Erivaldo, Ana, Marcia, Beatriz e Vera, pela amizade e assistência dedicadas.

Aos funcionários do Departamento de Matemática e Estatística da ESALQ, pelo apoio prestado.

Ao amigo Antônio Raymundo Dantas Ramiro, diretor do Curtume Campelo S. A. em Juazeiro - BA, pelo apoio e incentivo.

Ao meu sogro Luiz Severiano da Costa, pela sua ajuda como meu procurador.

À Deus, que me deu forças para superar todos os momentos difíceis.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
SUMMARY	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Variância do coeficiente de herdabilidade	3
2.2. Correlação genética intraclassa	11
2.3. Estimativas negativas do coeficiente de herdabilidade	15
2.4. Estimativas do coeficiente de herdabilidade maiores que 1 ($h^2 > 1$)	18
2.5. Intervalo de confiança para H^2	18
2.6. Simulação	21
3. MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1. Modelo	24
3.2. Análise de variância	25
3.3. Estimativa do coeficiente de herdabilidade	26
3.4. Variância do coeficiente de herdabilidade	26
3.5. Simulação dos dados de acordo com o modelo e experimentos.....	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	32

5. CONCLUSÕES	59
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	61
APÊNDICE 1.....	63
APÊNDICE 2	76

ESTUDO COMPARATIVO DE MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DA VARIÂNCIA DE COEFICIENTE DE HERDABILIDADE

Autor: JOAQUIM PEREIRA NETO

Orientador: PROF. DR. DÉCIO BARBIN

RESUMO

O presente trabalho tem por objetivo fazer um estudo comparativo entre o emprego das fórmulas aproximadas de: OSBORNE e PATERSON (1952), adaptada por BARBIN (1969), FALCONER (1960) e DICKERSON (1969), para o cálculo da variância do coeficiente de herdabilidade, empregando-se o modelo hierárquico aleatório.

Para encontrar as estimativas dos componentes de variância, aplicou-se o método dos momentos. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade e das variâncias aproximadas, foram encontradas utilizando-se as estimativas dos componentes de variância e covariâncias.

Os dados foram obtidos através de simulação, adotando-se as metodologias de GRAYBILL et al. (1956), VANVLECK e HENDERSON (1961) e GILL e JENSEN (1968). Os desvios aleatórios foram obtidos com o emprego do gerador RANNOR do SAS (Statistical Analysis System). Foram simulados 50 experimentos para várias combinações de números de machos e fêmeas, com 2

descendentes por acasalamento.

Dentre todas as situações simuladas, a fórmula de OSBORNE e PATERSON (1952), adaptada por BARBIN (1969), foi a que apresentou menor estimativa para a variância do coeficiente de herdabilidade.

COMPARATIVE STUDY OF METHODS OF ESTIMATION OF HERITABILITY COEFFICIENT VARIANCE

Author: JOAQUIM PEREIRA NETO

Adviser: PROF. DR. DÉCIO BARBIN

SUMMARY

The aim of this work is to make a comparative study between the approximated formulae of: OSBORNE & PATERSON (1952), adapted by BARBIN (1969), FALCONER (1960) and DICKERSON (1969) for the calculus of heritability coefficient variance by means of a random hierarchical model.

The momentum method was used in order to find the estimative of variance components. Approximate heritability coefficient and variance estimatives were found by estimating variance and covariance components.

Data were obtained through model simulation using the methodology of GRAYBILL et al. (1956), VANVLECK & HENDERSON (1961), and GILL & JENSEN (1968), random deviations were obtained by a SAS (Statistical Analysis System) RANNOR generator . Fifty experiments were simulated for several combinations of sires and dams, with 2 descendants per mating.

Among all simulated situations the formula by OSBORNE & PATERSON (1952), adapted by BARBIN (1969), presented the lowest estimative for heritability coefficient variance.

1. INTRODUÇÃO

Em Genética Estatística estudam-se certas características nos indivíduos, sem descontinuidades naturais, chamadas de "variação" ou "caracteres métricos", porque o estudo deles depende de mensuração, em vez de contagem. Qualquer atributo que varie continuamente, e suscetível de mensuração, poderia ser estudado, em princípio, como uma característica métrica, como: dimensões, proporções anatômicas, funções fisiológicas de toda a natureza e qualidades mentais ou psicológicas.

O estudo de um caráter métrico centraliza-se em torno da análise de sua variação, porque é em termos de variância que são formuladas as questões primárias da genética. O valor observado quando um caráter é medido no indivíduo, é o valor fenotípico desse indivíduo; todas as observações de médias, variâncias e covariâncias devem, claramente, ser baseadas na medida do valor fenotípico.

O coeficiente de herdabilidade de um caráter métrico é uma das mais importantes de suas propriedades. Ela expressa a proporção da variância total que é atribuída ao efeito médio dos gens, e este é o que determina o grau de semelhança entre os parentes. Mas, a mais importante função do coeficiente de herdabilidade no estudo genético do caráter métrico é o seu papel preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético. Somente o valor fenotípico do indivíduo

pode ser diretamente medido, mas é o valor genético que determina a influência na próxima geração. Portanto, se o criador escolhe os indivíduos para serem pais, de acordo com os seus valores fenotípicos, seu sucesso na alteração das características da população pode ser predito somente por intermédio do conhecimento do grau de correspondência entre o valor do fenótipo e o valor genético. Este grau de correspondência é medido pelo coeficiente de herdabilidade, que será estimado pela técnica da análise da variância com o emprego do modelo hierárquico aleatório.

Devido à importância do coeficiente de herdabilidade nos programas de melhoramento animal, faz-se necessário um estudo mais detalhado das fórmulas disponíveis, todas aproximadas, para estimar a variância deste coeficiente.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Variância do coeficiente de herdabilidade

Os objetivos da estimação das variâncias genéticas são diversos. Um dos mais frequentes, particularmente entre os geneticistas da área animal, é a estimação do coeficiente de herdabilidade, um parâmetro definido como a razão da variância genética aditiva para a variância fenotípica, por isso ela expressa a proporção da variação total que é atribuída ao efeito médio dos gens. Mas, segundo BROEMELING (1969), o estudo da distribuição de estimadores do coeficiente de herdabilidade não tem sido examinado, devido ao desconhecimento da distribuição dos estimadores de componentes de variância.

OSBORNE e PATERSON (1952), apresentam uma fórmula aproximada para a obtenção da variância do coeficiente de herdabilidade. Consideram o modelo de classificação hierárquica aleatório, conforme o quadro da análise da variância abaixo, com números constantes de observações por fêmea e por macho:

FONTE DE VARIAÇÃO	GL	QM	E [Q M]
Entre machos	c	M ₃	$\alpha + n\beta + \gamma m$
Entre fêmeas dentro de machos	b	M ₂	$\alpha + n\beta$
Entre irmãos germanos	a	M ₁	α

onde n e m são os números de indivíduos por fêmea e por macho, respectivamente. A, B e C são as estimativas dos componentes de variância de α , β e γ associados, respectivamente aos efeitos de indivíduos, fêmeas e machos. Considerando o quociente de duas variáveis aleatórias contínuas X e Y e, fazendo

$$Z = \frac{X}{Y}$$

usando a expansão em série de Taylor até os termos de primeira ordem, tem-se aproximadamente

$$\delta_z \approx \frac{\bar{y}\delta_x - \bar{x}\delta_y}{\bar{y}^2},$$

onde,

δ_x , δ_y e δ_z são desvios da média.

Portanto,

$$\sigma_z^2 \approx \frac{\left[\bar{y}^2 \sigma_x^2 + \bar{x}^2 \sigma_y^2 - 2\bar{x}\bar{y} \text{cov}(x,y) \right]}{\bar{y}^4}. \quad (1)$$

Considerando-se que sob normalidade em modelos balanceados, qualquer quadrado médio M com f graus de liberdade é distribuído como

$$QM \sim E[QM] \frac{\chi_f^2}{f},$$

e que os QM são mutuamente independentes, tem-se

$$M_1 = E[M_1] \frac{\chi_a^2}{a} \Rightarrow \sigma_A^2 = \frac{2A^2}{a},$$

$$M_2 = \frac{1}{n} \left[E(M_2) \frac{\chi_b^2}{b} - E(M_1) \frac{\chi_a^2}{a} \right] \Rightarrow \sigma_B^2 = \frac{2}{n^2} \left[\frac{(A+nB)^2}{b} + \frac{A^2}{a} \right],$$

e,

$$M_3 = \frac{1}{m} \left[E(M_3) \frac{\chi_c^2}{c} - E(M_2) \frac{\chi_b^2}{b} \right] \Rightarrow$$

$$\sigma_C^2 = \frac{2}{m^2} \left[\frac{(A+nB+C)^2}{c} + \frac{(A+nB)^2}{b} \right].$$

Seja a variável aleatória,

$$H^2 = \frac{4C}{[A+B+C]}.$$

Substituindo x e y na fórmula (1) por C e $(A + B + C)$, respectivamente, podemos encontrar a $V(H^2)$.

Assim,

$$\sigma_x^2 = \sigma_C^2,$$

$$\sigma_y^2 = \sigma_A^2 + \sigma_B^2 + \sigma_C^2 + 2[\text{côv}(A, B) + \text{côv}(B, C) + \text{côv}(A, C)],$$

$$\text{côv}(x, y) = \text{côv}(A, C) + \text{côv}(B, C) + \sigma_C^2,$$

cujas covariâncias são dadas por:

$$\text{côv}(A, A + nB) = \sigma_A^2 + n\text{côv}(A, B) = 0 \quad \therefore \quad \text{côv}(A, B) = -\frac{\sigma_A^2}{n},$$

$$\text{côv}(A, A + nB + mC) = m\text{côv}(A, C),$$

$$\therefore \quad \text{côv}(A, C) = 0$$

$$\text{côv}(A + nB, A + nB + mC) = \sigma_A^2 + n^2\sigma_B^2 + 2n\text{côv}(A, B) + nm\text{côv}(B, C) = 0$$

$$\therefore \quad \text{côv}(B, C) = \frac{\sigma_A^2 - n^2\sigma_B^2}{nm}.$$

FALCONER (1960), diz que se considerarmos um delineamento ideal, as variâncias de amostragem das estimativas do coeficiente de herdabilidade são as seguintes:

$$\text{Para famílias de irmãos completos: } \sigma^2(h^2) \approx \frac{16h^2}{T},$$

$$\text{Para famílias de meio-irmãos: } \sigma^2(h^2) \approx \frac{32h^2}{T},$$

onde,

h^2 , é a herdabilidade estimada pela análise da variância;

T , é o número total de observações.

BARBIN (1969), apresenta uma fórmula aproximada para o cálculo da estimativa da variância do coeficiente de herdabilidade, adaptada de OSBORNE e PATERSON (1952), para o caso de tamanhos desiguais de progênes. Esta adaptação constou de estabelecimento de fórmulas para o cálculo das variâncias e covariâncias dos componentes de variância. Assim,

$$\hat{V}(h^2) = \frac{16}{(E+D+S)^4} \left[(E+D)^2 \hat{V}(S) + S^2 \left[\hat{V}(E) + \hat{V}(D) + 2\text{côv}(E,D) \right] - 2S(E+D) \left[\text{côv}(E,S) + \text{côv}(D,S) \right] \right].$$

Considerando,

$$\hat{V}_1 = E + k_2 D + k_3 S$$

com $n_1 = (I-1)$ graus de liberdade,

$$\hat{V}_2 = E + k_1 D$$

com $n_2 = (J-1)$ graus de liberdade,

$$\hat{V}_3 = E$$

com $n_3 = [N - (I+J-1)]$ graus de liberdade, obteve

$$\hat{V}(S) = \frac{2}{k_1 k_2} \left[\frac{k_1^2 \hat{V}_1^2}{n_1 + 2} + \frac{k_2^2 \hat{V}_2^2}{n_2 + 2} + \frac{(k_2 - k_1)^2}{n_3 + 2} \right],$$

$$\hat{V}(D) = \frac{2}{k_1^2} \left[\frac{\hat{V}_2^2}{n_2 + 2} + \frac{\hat{V}_3^2}{n_3 + 2} \right]$$

e,

$$\hat{V}(E) = \frac{2 \hat{V}_3^2}{n_3 + 2}$$

Considerando a independência dos quadrados médios, obteve as estimativas das covariâncias:

$$\text{cov}(E, E + k_1 D) = \hat{V}(E) + k_1 \text{cov}(E, D) = 0,$$

$$\therefore \text{cov}(E, D) = -\frac{\hat{V}(E)}{k_1};$$

$$\text{cov}(E, E + k_2 D + k_3 S) = \hat{V}(E) + k_2 \text{cov}(E, D) + k_3 \text{cov}(E, S) = 0,$$

$$\therefore \text{cov}(E, S) = \frac{k_2 - k_1}{k_1 k_3} \hat{V}(E)$$

e,

$$\begin{aligned} \text{cov}(E + k_1 D, E + k_2 D + k_3 S) &= \hat{V}(E) + k_1 k_2 \hat{V}(D) + (k_1 + k_2) \text{cov}(E, D) \\ &\quad + k_3 \text{cov}(E, S) + k_1 k_3 \text{cov}(D, S) = 0, \end{aligned}$$

$$\therefore \text{cov}(D, S) = \frac{\hat{V}(E) - k_1 k_2 \hat{V}(D)}{k_1 k_3}.$$

DICKERSON (1969), sugeriu fórmulas aproximadas para a $V(h^2)$

com base na $v(x/y)$, desprezando os termos $v(y)$ e $\text{cov}(x, y)$.

Assim,

$$V(h_S^2) = \frac{16V(\sigma_S^2)}{(\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2)^2},$$

$$V(h_D^2) = \frac{16V(\sigma_D^2)}{(\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2)^2}$$

e,

$$V(h_{(S+D)}^2) = \frac{4 \left[V(\sigma_S^2) + V(\sigma_D^2) + 2\text{cov}(\sigma_S^2, \sigma_D^2) \right]}{(\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2)^2}.$$

SINGH (1993), considerando o modelo aleatório:

$$y_{ij} = m + a_i + e_{ij},$$

$$\left(j = 1, 2, \dots, n_i; i = 1, 2, \dots, g, \sum_{i=1}^g n_i = N \right),$$

onde,

m = média geral,

a_i = efeito do grupo i , $a_{ij} \sim \text{NIID}(0, \sigma_a^2)$,

e_{ij} = efeito residual, $e_{ij} \sim \text{NIID}(0, \sigma_e^2)$,

encontra a distribuição exata para a variável aleatória,

$$H^2 = \frac{4\sigma_a^2}{\left[\sigma_a^2 + \sigma_e^2 \right]}.$$

Ainda mais, encontra os momentos da função de densidade de $f(h^2)$ e, faz um estudo comparativo entre a variância exata de h^2 e a variância estimada pelas fórmulas aproximadas de Taylor, Smith e Fisher, considerando os valores esperados para a herdabilidade de 0,0; 0,2; 0,4; 0,6; 0,8 e 1,0. Conclui que a fórmula de Smith para a $V(h^2)$ é a que apresentou melhor precisão para todas as situações de tamanhos de grupos.

2.2. Correlação genética intraclasse

KEMPTHORNE (1957), considerando o modelo de classificação hierárquica balanceado aleatório,

$$y_{ijk} = \mu + b_i + f_{ij} + s_{ijk} + e_{ijk},$$

onde,

$$i = 1, 2, \dots, b; \quad j = 1, 2, \dots, f; \quad k = 1, 2, \dots, s;$$

e a tabela da análise da variância abaixo:

FONTE DE VARIAÇÃO	G L	Q M	E [Q M]
Raças	b-1	M.S.B	$\sigma_e^2 + r\sigma_s^2 + rs\sigma_f^2 + rsf\sigma_b^2$
Granjas dentro de raças	b(f-1)	M.S.F	$\sigma_e^2 + r\sigma_s^2 + rs\sigma_f^2$
Machos dentro de granjas	bf(s-1)	M.S.S	$\sigma_e^2 + r\sigma_s^2$
Indivíduos dentro de machos	bfs(r-1)	M.S.I	σ_e^2
TOTAL	bfsr-1		

empregando a técnica da análise de variância, mostra como encontrar a estimativa da correlação intraclasse. Uma estimativa da correlação intraclasse é dada por:

$$\hat{\theta} = \frac{n_1A + n_2B + n_3C + \dots}{v_1A + v_2B + v_3C + \dots} = \frac{X}{Y}$$

onde,

$$n_1, n_2, n_3, \dots,$$

$v_1, v_2, v_3, \dots$, são números reais

e

A, B e C, são quadrados médios na análise de variância.

Com base no modelo e na tabela da análise da variância, define o coeficiente de correlação intraclass,

$$\rho = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_e^2 + \sigma_s^2 + \sigma_f^2},$$

e sua estimativa por

$$\hat{\rho} = \frac{1/rs(M.S.F - M.S.S)}{M.S.I + (M.S.S - M.S.I)/r + (M.S.F - M.S.S)/rs}.$$

Em seguida mostra a relação aproximada,

$$V(\hat{\theta}) = \frac{V(X)}{Y^2} - 2 \frac{X \text{cov}(X, Y)}{Y^3} + \frac{X^2}{Y^4} V(Y),$$

onde,

$$V(X) = u_1^2 V(A) + u_2^2 V(B) + u_3^2 V(C) + \dots,$$

$$V(Y) = v_1^2 V(A) + v_2^2 V(B) + v_3^2 V(C) + \dots \quad e,$$

ROBERTSON (1959), considerando um delineamento com uma única classificação, com N famílias e com n meio-irmãos por família, fez uso da fórmula de FISHER (1954) para encontrar a variância da correlação intraclass t ,

$$V(\hat{t}) \approx \frac{2[1+(n-1)t]^2(t-1)^2}{n(n-1)(N-1)}.$$

Impondo a restrição $Nn \leq T$ e fazendo-se n grande, tem-se,

$$V(\hat{t}) \approx \frac{2(1-t)^2(1+nt)^2}{Tn}.$$

Considerando,

$$V(\hat{t}) = f(n)$$

tem-se que $V(\hat{t})$, admite um mínimo quando $nt = 1$. Portanto, o autor chegou à conclusão que o tamanho ótimo do grupo ocorre quando $n = 1/t$. Admitindo o ótimo, tem-se

$$V(\hat{t}) \approx \frac{8(1-t)^2}{T}$$

$$\approx \frac{8t^2}{N}$$

$$\approx \frac{8t}{T}.$$

No caso do modelo de classificação hierárquica com s machos, d fêmeas por macho e n descendentes por fêmea, respectivamente, seguindo o trabalho de OSBORNE e PATERSON (1952), concluiu que:

a) a melhor estimativa da correlação intraclass para machos ocorre quando se tem uma progênie por fêmea e o número de descendentes por macho é aproximadamente $1/t$.

b) para uma ótima e igual informação de ambas as correlações, o delineamento deverá ter de 3 a 4 fêmeas por macho e $1/2t$ descendentes por fêmea.

Na discussão do seu trabalho, diz que, com uma ótima estrutura para a análise estatística, a variância do coeficiente de herdabilidade é dada por:

$$\hat{V}(\hat{t}) \approx \frac{8t}{T} \quad \text{ou} \quad \hat{V}(h^2) \approx \frac{32h^2}{T},$$

onde T é o número total de observações.

SWINGER et al. (1964), trabalhando com o coeficiente de correlação genética intraclass, considerando números de observações diferentes por grupo, com base no quadro da análise da variância abaixo:

FONTE DE VARIAÇÃO	GL	SQ	E [QM]
Entre grupos	$s - 1$	S	$(s-1)\left(\sigma_e^2 + k\sigma_g^2\right)$
Dentro dos grupos	$N - s$	E	$(N-s)\sigma_e^2$

e na fórmula aproximada para o quociente entre duas variáveis aleatórias X e Y ,

$$V\left(\frac{Y}{X}\right) \approx \left(\frac{\mu_y}{\mu_x}\right)^2 \left(\frac{\sigma_y^2}{\mu_y^2} + \frac{\sigma_x^2}{\mu_x^2} - 2 \frac{\text{cov}(x,y)}{\mu_x \mu_y} \right),$$

chegaram à seguinte expressão aproximada, para a variância do coeficiente de correlação genética intraclasse:

$$V(\hat{t}) \approx \frac{2(N-1)(1-t)^2 [1+(k-1)t]^2}{k^2(N-s)(s-1)},$$

onde,

$$t = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} \quad \text{e} \quad k = \frac{1}{s-1} \left(N - \frac{\sum n_i^2}{N} \right).$$

Assumindo número igual de observações por grupo, a expressão reduz-se à fórmula de FISHER (1954).

2.3. Estimativas negativas do coeficiente de herdabilidade

Um componente de variância é, por definição, sempre positivo. Entretanto, não é incomum a ocorrência de componentes de variância negativos, levando a estimativas também negativas do coeficiente de herdabilidade, o que acontece quando a variância residual é maior que a variância entre grupos paternos ou maternos, quer em

modelos balanceados ou não balanceados.

NELDER (1954), diz que, se o modelo na análise é o modelo normal ortodoxo, a prática de igualar a zero os componentes de variâncias negativos, é muito menos questionável e não conduz a vieses maiores na estimação dos erros padrões, etc. Destaca ainda, que num experimento envolvendo um número pequeno de observações, podem ocorrer problemas de correlações, conduzindo a tais estimativas negativas.

KEMPTHORNE (1968), comenta: "não existe qualquer objeção lógica ao emprego de uma estatística que possa assumir valores negativos, numa tentativa de obter informações específicas a respeito de um parâmetro não negativo". E, continua "se diversos conjuntos de dados fornecem uma mistura de estatísticas positivas e negativas, pode-se presumir que o verdadeiro valor comum está em torno de zero."

GILL e JENSEN (1968), trabalhando com estimativas negativas do coeficiente de herdabilidade, chegaram às seguintes conclusões:

i) Para um determinado valor do coeficiente de herdabilidade e números iguais do total de observações, a probabilidade de se obter uma estimativa negativa do componente fêmea (dentro de macho) em uma análise com dois irmãos germanos por acasalamento, é muito maior do que a do componente macho em qualquer análise com irmãos completos ou meios-irmãos.

ii) Quando um coeficiente de herdabilidade é estimado de um componente macho, a diferença em probabilidade, de se obter uma estimativa negativa da análise de meio-irmãos ou irmãos-completos é menor, se são iguais os totais de observações, mas existe alguma vantagem em usar mais informação por macho,

especialmente se o coeficiente de herdabilidade é baixo.

iii) Se o coeficiente de herdabilidade é relativamente baixo, em torno de $(0,1)$, necessitamos no mínimo de 800 observações para ter 95% de chance de se obter uma estimativa não-negativa do componente macho. Se a informação por macho é limitada a menos que 30 - 40 progênies, HILL (1965), mostra que uma estimativa não viesada, negativa, grande de um componente de variância é, provavelmente, uma indicação de que o experimento é não informativo, e não que o componente de variância seja aproximadamente zero.

iv) Se o coeficiente de herdabilidade é moderado, em torno de $(0,25)$, necessita-se de, no mínimo, 500 observações para ter 99% de chance de se obter uma estimativa não-negativa do componente macho; se a informação por macho é limitada a menos que 30 - 40 progênies.

v) Aproximadamente, quatro vezes mais observações são necessárias para estimar componentes por fêmea (dentro de machos e com dois irmãos completos por acasalamento), do que componentes por macho, para alcançar a mesma probabilidade de se obter uma estimativa não negativa do coeficiente de herdabilidade. (Nota: A melhor maneira de melhorar estimativas para o componente fêmea será pelo aumento do número de irmãos completos por acasalamento, do que pelo aumento do número de fêmeas).

Conclui que existe alguma vantagem em planejar mais descendentes por macho do que avaliar mais machos (para um dado número de descendentes).

2.4. Estimativas do coeficiente de herdabilidade maiores que 1 ($h^2 > 1$).

Segundo SILVA (1982), este é um problema que eventualmente ocorre, sendo aparentemente devido a um elevado valor da variância entre progêies, em relação à variância residual, o que pode ser causado por:

- a) um número de graus de liberdade excessivamente pequeno entre progêies;
- b) uso de amostras populacionais muito pequenas;
- c) presença de fatores não aditivos ou não genéticos, contribuindo para uma variância entre progêies excessivamente inflacionada.

Ainda, segundo SILVA (1982), de um modo geral, trata-se de um resultado que indica inadequação da amostra para fins de estimação de parâmetros genéticos, os quais, nesse caso, não terão qualquer significado.

Devido ao desconhecimento da distribuição de probabilidade da variável aleatória H^2 e, conseqüentemente, do seu domínio, reveste-se de importância admitir-se a ocorrência de coeficientes de herdabilidade maiores que 1.

2.5. Intervalo de confiança para H^2

GRAYBILL et al. (1956), considerando o modelo de classificação hierárquica aleatório

$$y_{ijk} = \mu + a_i + b_{ij} + c_{ijk},$$

onde,

$$i = 1, 2, \dots, r; \quad j = 1, 2, \dots, s \quad \text{e} \quad k = 1, 2, \dots, t$$

e a tabela da análise da variância abaixo:

FONTE DE VARIAÇÃO	GL	QM	E [QM]
Entre machos	$n_3 = r - 1$	A_3	$\sigma_3^2 = \sigma_c^2 + t\sigma_b^2 + st\sigma_a^2$
Entre fêmeas dentro de machos	$n_2 = r(s - 1)$	A_2	$\sigma_2^2 = \sigma_c^2 + t\sigma_b^2$
Entre irmãos germanos	$n_1 = rs(t - 1)$	A_1	$\sigma_1^2 = \sigma_c^2$

apresentam um método para encontrar intervalos de confiança para a variável aleatória,

$$H^2 = \frac{2(\sigma_a^2 + \sigma_b^2)}{[\sigma_a^2 + \sigma_b^2 + \sigma_c^2]}.$$

O método consiste em igualar os momentos de

$$\frac{Y}{N} = \frac{\alpha_2 A_2 + \alpha_3 A_3}{\sigma_4^2},$$

aos momentos da função $\chi_{(N)}/N$, onde

$$\sigma_4^2 = \gamma \left(\sigma_a^2 + \sigma_b^2 \right) + \sigma_c^2,$$

Y/N é uma combinação linear de variáveis com distribuição χ^2 que é aproximada por $\chi_{(N)}^2/N$,

N , α_2 , α_3 e γ são constantes a determinar.

Considerando as funções geradoras,

$$M_{(Y/N)}(\theta) = (1 - 2B_2\theta)^{-n_2/2} (1 - B_3\theta)^{-n_3/2}$$

e,

$$M_{\left(\chi^2/N\right)}(\theta) = (1 - 2\theta/N)^{-N/2},$$

onde

$$B_i = \frac{\alpha_i \sigma_i^2}{n_i \sigma_4^2},$$

expandindo em séries infinitas e igualando aos primeiros momentos dessas funções tem-se,

$$\gamma = t, \quad \alpha_2 = (s-1) \quad \text{e} \quad \alpha_3 = 1/s.$$

Para obter um intervalo de confiança aproximado para H^2 , segue-se que

$$Y \sim \chi_{(N)}^2 \quad \text{e} \quad n_1 A_1 / \sigma_c^2 \sim \chi_{(n_1)}^2.$$

Portanto,

$$\frac{Y}{N} / \frac{A_1}{\sigma_c^2} = u$$

tem distribuição aproximada de F com N graus de liberdade no numerador e n_1 graus de liberdade no denominador.

Sejam, F_1 e F_2 valores tais que

$$\int_0^{F_1} f(u) du = \int_{F_2}^{\infty} f(u) du = \alpha,$$

usando esta igualdade, tem-se

$$P[F_1 \leq u \leq F_2] = 1 - 2\alpha.$$

Substituindo u e fazendo algumas operações algébricas, obtém-se

$$P\left[\frac{2(C-F_2)}{C+(t-1)F_2} \leq h^2 \leq \frac{2(C-F_1)}{C+(t-1)F_1}\right] = (1-2\alpha)$$

onde,

$$C = \frac{(s-1)A_2 + A_3}{sA_1}$$

2.6. Simulação

GRAYBILL et al. (1956), considerando o modelo de classificação aleatório e vários casos onde fazem combinações do número de machos, fêmeas e descendentes, empregam a técnica da simulação para a obtenção dos dados.

SWINGER et al. (1964), estudando a variância da correlação intraclasses, empregam a técnica de Monte Carlo para a simulação das observações.

GILL e JENSEN (1968), estudando estimativas negativas do coeficiente de herdabilidade, considerando o modelo de classificação hierárquica aleatório, empregam a técnica da simulação e sugerem o trabalho de VANVLECK e HENDERSON (1961).

VANVLECK e HENDERSON (1961), consideram o modelo

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \delta_{ij}, \quad (i = 1, 2, \dots, c; \quad j = 1, 2, \dots, n_i)$$

onde,

μ é uma constante,

α_i é o efeito aleatório associado a i -ésima classe,

δ_{ij} é o efeito aleatório associado a j -ésima observação na i -ésima

classe,

e

$$\alpha_i \sim N\left(0, \sigma_\alpha^2\right),$$

$$\delta_{ij} \sim N\left(0, \sigma_\delta^2\right).$$

Afirmam que, para gerar observações associadas a este modelo, deve-se retirar amostras de uma população $NID(0,1)$, multiplicar estes desvios normais por um apropriado desvio padrão e adicionar estes produtos à média populacional.

Assim,

$$y_{ij} = \mu + \sigma_{\alpha} a_i + \sigma_{\delta} e_{ij}$$

onde,

$$a_i \sim \text{NID}(0,1),$$

$$e_{ij} \sim \text{NID}(0,1).$$

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Modelo

Uma forma comum, por meio da qual os dados (características métricas), são obtidos com animais, é a seguinte: vários machos (reprodutores) são acasalados, cada um com diversas fêmeas (reprodutoras) diferentes e os descendentes de cada fêmea são medidos, fornecendo os dados experimentais. Portanto, para estimar a variância associada a estes efeitos e, conseqüentemente o coeficiente de herdabilidade, foi empregado o modelo de classificação hierárquica aleatório, expresso por:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{ij} + e_{ijk},$$

onde μ é fixo e representa a média geral e

α_i , com $i = 1, 2, \dots, I$ representa o efeito de machos com média zero e variância σ_α^2 ;

β_{ij} , com $j = 1, 2, \dots, J$ representa o efeito de fêmeas dentro de machos com média zero e variância σ_β^2 ;

e_{ijk} , com $k = 1, 2, \dots, K$ representa o efeito de irmãos germanos, com média zero e variância σ^2 .

3.2. Análise de variância

Considerando o modelo empregado temos o seguinte esquema de análise da variância:

FONTE DE VARIAÇÃO	GL	QM	E [Q M]
Entre machos	I - 1	A ₃	$\sigma^2 + K\sigma_\beta^2 + JK\sigma_\alpha^2$
Entre fêmeas dentro de machos	(J-1)I	A ₂	$\sigma^2 + K\sigma_\beta^2$
Entre irmãos germanos	(K-1)IJ	A ₁	σ^2
TOTAL	N - 1		

Para encontrar as estimativas dos componentes de variância, foi empregado o método dos momentos. Para facilitar o programa computacional, admitiu-se que

E = estimativa de σ^2 ,

D = estimativa de σ_β^2 ,

S = estimativa de σ_α^2 .

Logo, as estimativas dos componentes foram expressas por:

$$E = A_1 ,$$

$$D = \frac{1}{K}(A_2 - A_1)$$

e

$$S = \frac{1}{JK}(A_3 - A_2).$$

3.3. Estimativa do coeficiente de herdabilidade

Existe um número relativamente grande de métodos propostos para o cálculo do coeficiente de herdabilidade. O método empregado foi o da correlação entre meios-irmãos paternos que constitui, provavelmente, o método mais usado, tendo em vista possibilitar o aproveitamento de maior quantidade de dados. De fato, entre os animais domésticos é geralmente mais fácil encontrar um grande número de grupos de meios irmãos-completos do que irmãos completos. O coeficiente de herdabilidade, no sentido restrito, é então estimado por:

$$h^2 = \frac{4S}{E + D + S}.$$

3.4. Variância do coeficiente de herdabilidade

Geralmente, a variância amostral de estatísticas baseadas em componentes de variância é elevada e desconhecida; em alguns casos, a determinação

dessa variância, com precisão suficientemente grande, chega a ser impossível. Desta maneira, devido ao desconhecimento da distribuição de probabilidades da variável aleatória H^2 , as fórmulas existentes com este propósito são quase todas aproximadas. Como o objetivo é fazer um estudo comparativo de fórmulas aproximadas, foram empregadas as seguintes fórmulas para o cálculo da variância de h^2 , baseadas na correlação entre meios-irmãos paternos:

a) OSBORNE e PATERSON (1952) adaptada por BARBIN

(1969):

$$\hat{V}(h^2) \approx \frac{16}{(E+D+S)^4} \left[(E+D)^2 \hat{V}(S) + S^2 [\hat{V}(E) + \hat{V}(D) + 2 \text{côv}(E, D)] \right. \\ \left. - 2S(E+D) [\text{côv}(E, S) + \text{côv}(D, S)] \right]$$

onde,

$$\hat{V}(E) = \frac{2V_3^2}{(K-1)IJ+2},$$

$$\hat{V}(D) = \frac{2}{K^2} \left[\frac{(E+KD)^2}{(J-1)I+2} + \frac{E^2}{(K-1)IJ+2} \right],$$

$$\hat{V}(S) = \frac{2}{(JK)^2} \left[\frac{(E+KD+JKS)^2}{(I-1)+2} + \frac{(E+KD)^2}{(J-1)I+2} \right]$$

e,

$$\text{côv}(E, D) = -\frac{2}{K} \left[\frac{V_3}{(K-1)IJ+2} \right],$$

$$\text{cov}(E, S) = 0 ,$$

$$\text{cov}(D, S) = -\frac{2}{JK^2} \left[\frac{V_2^2}{(J-1)I+2} \right] .$$

b) FALCONER (1960):

$$\hat{V}(h^2) \approx \frac{32h^2}{T}$$

onde,

h^2 , é o coeficiente de herdabilidade estimado,

T , é o número total de observações.

c) DICKERSON (1969):

$$\hat{V}(h^2) \approx \frac{16\hat{V}(S)}{(E + D + S)^2}$$

onde,

E , D , e S são estimativas dos componentes de variância para irmãos
germanos, fêmeas dentro de machos e machos, respectiva
mente.

$\hat{V}(S)$, é a estimativa da variância de S .

3.5. Simulação dos dados de acordo com o modelo e experimentos

Para simulação dos dados, considerou-se as metodologias empregadas por GRAYBILL et al. (1956), VANVLECK e HENDERSON (1961) e GILL e JENSEN (1968). Assim, considerando o modelo aleatório hierárquico:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{ij} + e_{ijk}, \quad i = 1, 2, \dots, I; \quad j = 1, 2, \dots, J; \quad k = 1, 2, \dots, K,$$

onde,

μ , é uma constante;

α_i , é o efeito do i - ésimo macho; $\alpha_i \sim \text{NID}\left(0, \sigma_\alpha^2\right)$;

β_{ij} , é o efeito da j - ésima fêmea dentro do i - ésimo macho;

$\beta_{ij} \sim \text{NID}\left(0, \sigma_\beta^2\right)$;

e_{ijk} , é o efeito residual; $e_{ijk} \sim \text{NID}\left(0, \sigma^2\right)$.

A variância de y_{ijk} é $\left(\sigma_\alpha^2 + \sigma_\beta^2 + \sigma^2\right)$. Assim, para gerar observações associadas a este modelo, retirárou-se amostras de uma população $\text{NID}(0,1)$, multiplicou-se estes desvios normais aleatórios por um apropriado desvio padrão e, adicionou-se estes produtos à média populacional.

Logo, o modelo pôde ser escrito como:

$$y'_{ijk} = \mu + \sigma_\alpha a_i + \sigma_\beta b_{ij} + \sigma e_{ijk}$$

onde,

a_i , b_{ij} e $e_{ijk} \sim \text{NID}(0,1)$.

Foi considerado o valor de $\mu=15$, com o objetivo de eliminar valores negativos para os dados simulados e, os valores de σ_α , σ_β e σ , foram escolhidos de tal forma a dar valores esperados para os coeficientes de herdabilidade de 0,0; 0,2; 0,4; 0,6; 0,8 e 1,0; conforme SINGH (1993). O número de descendentes por fêmea foi fixado em 2, número de machos foi de 2, 4, 6, 8, 10, 30 e 50, sendo que o número de fêmeas foi de 2, 4, 6, 8, 10, 20 e 30.

Foram simulados 50 experimentos para cada combinação de machos e fêmeas, com os coeficientes de herdabilidade esperados. Para a simulação dos experimentos usou-se o gerador RANNOR do SAS (Statistical Analysis System), que produz desvios aleatórios normais com média zero e variância um. O gerador RANNOR emprega o método de BOX - MULLER (1958), que consiste em considerar a densidade conjunta de duas variáveis aleatórias, $NID(0,1)$ e o elemento de probabilidade:

$$f(x_1, x_2)dx_1dx_2 = (1/2\pi) \exp\left[-(x_1^2 + x_2^2)/2\right]dx_1dx_2.$$

Convertendo para coordenadas polares $(x_1, x_2) \rightarrow (r, \theta)$ e fatorando, tem-se

$$f(r, \theta)rdrd\theta = \left\{ \exp\left(-r^2/2\right) d\left(-r^2/2\right) \right\} \{d\theta/2\pi\}.$$

A primeira densidade é exponencial na variável $r^2/2$, enquanto que a segunda é uniforme sobre o intervalo $(0, 2\pi)$. Desvios aleatórios para estas variáveis são facilmente construídos, fazendo-se

$$\theta = 2\pi U, \text{ e}$$

$$r = \left(-2 \log(U') \right)^{1/2},$$

onde U, U' são uniformes $(0,1)$.

Finalmente, fazendo

$$Y = R \cos(\theta) = \left(-2 \log(U') \right)^{1/2} \cos(2\pi U),$$

Y tem distribuição Normal $(0,1)$.

Para cada caso, combinação de machos e fêmeas e, para cada coeficiente de herdabilidade esperado, foram feitas 50 análises de variâncias. De cada uma das análises, foram calculadas para a variável aleatória H^2 , a sua estimativa h^2 , média, variância pelas fórmulas aproximadas, médias das variâncias, máximo e mínimo e as frequências de se obter coeficientes de herdabilidade negativos, devido ao método (momentos) empregado para estimar os componentes de variância. As estimativas negativas dos componentes de variância foram consideradas nulas.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 1 a seguir, estão apresentados para cada estatística, o mínimo, o máximo e a média de 50 experimentos, para várias combinações de machos e fêmeas com 2 descendentes. Assim, caso = IJ, significa: número de machos e fêmeas, respectivamente.

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H²S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH²SF), Dickerson (VH²SD) e Osborne & Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H²).

H ²	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0.0	22	8	H ² S	0.0000	3.0366	0.4474
			VH ² SF	0.0000	12.1463	1.7898
			VH ² SD	0.0005	7.8922	1.5407
			VH ² SOP	0.0005	2.5078	0.9316
	24	16	H ² S	0.0000	2.8394	0.3241
			VH ² SF	0.0000	5.6787	0.6483
			VH ² SD	0.0110	6.2400	0.5747
			VH ² SOP	0.0110	1.0662	0.2796
	26	24	H ² S	0.0000	0.8603	0.1384
			VH ² SF	0.0000	1.1471	0.1845
			VH ² SD	0.0029	0.7978	0.1304
			VH ² SOP	0.0029	0.4946	0.1043

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,0	28	32	H2S	0.0000	1.6507	0.1831
			VH2SF	0.0000	1.6507	0.1831
			VH2SD	0.0028	2.1265	0.1672
			VH2SOP	0.0028	0.7373	0.1037
	42	16	H2S	0.0000	1.3563	0.2479
			VH2SF	0.0000	2.7126	0.4958
			VH2SD	0.0314	2.6834	0.6949
			VH2SOP	0.0298	1.6038	0.5971
	44	32	H2S	0.0000	1.1150	0.1638
			VH2SF	0.0000	1.1150	0.1638
			VH2SD	0.0140	0.7082	0.1553
			VH2SOP	0.0140	0.4155	0.1242
	46	48	H2S	0.0000	0.9305	0.1361
			VH2SF	0.0000	0.6203	0.0907
			VH2SD	0.0044	0.6301	0.0913
			VH2SOP	0.0044	0.3737	0.0751
	48	64	H2S	0.0000	0.6645	0.0916
			VH2SF	0.0000	0.3322	0.0458
			VH2SD	0.0033	0.2966	0.0441
			VH2SOP	0.0033	0.2127	0.0378
	62	24	H2S	0.0000	1.4154	0.2565
			VH2SF	0.0000	1.8872	0.3420
			VH2SD	0.0435	1.4242	0.5034
			VH2SOP	0.0408	1.4001	0.4195

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne & Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,0	64	48	H2S	0.0000	1.1429	0.1010
			VH2SF	0.0000	0.7619	0.0673
			VH2SD	0.0145	0.6600	0.1033
			VH2SOP	0.0145	0.3399	0.0872
	66	72	H2S	0.0000	0.7397	0.0793
			VH2SF	0.0000	0.3288	0.0353
			VH2SD	0.0039	0.2944	0.0456
			VH2SOP	0.0039	0.1967	0.0413
	68	96	H2S	0.0000	0.5655	0.0601
			VH2SF	0.0000	0.1885	0.0200
			VH2SD	0.0018	0.1772	0.0242
			VH2SOP	0.0018	0.1312	0.0215
	82	32	H2S	0.0000	1.8834	0.2690
			VH2SF	0.0000	1.8834	0.2690
			VH2SD	0.0275	1.1804	0.4237
			VH2SOP	0.0275	0.8501	0.3474
	84	64	H2S	0.0000	0.7856	0.1020
			VH2SF	0.0000	0.3928	0.0510
			VH2SD	0.0122	0.3257	0.0721
			VH2SOP	0.0122	0.2122	0.0646
	86	96	H2S	0.0000	0.6008	0.0561
			VH2SF	0.0000	0.2003	0.0187
			VH2SD	0.0024	0.1757	0.0293
			VH2SOP	0.0024	0.1276	0.0269

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
1,0	88	128	H2S	0.0000	0.5235	0.0632
			VH2SF	0.0000	0.1309	0.0158
			VH2SD	0.0030	0.1219	0.0199
			VH2SOP	0.0030	0.0925	0.0181
0,2	22	8	H2S	0.0000	2.8899	0.4157
			VH2SF	0.0000	11.5596	1.6628
			VH2SD	0.0030	5.5898	1.3617
			VH2SOP	0.0030	3.2012	0.9319
	24	16	H2S	0.0000	1.8714	0.2824
			VH2SF	0.0000	3.7428	0.5647
			VH2SD	0.0152	2.8019	0.4168
			VH2SOP	0.0152	1.0497	0.2709
	26	24	H2S	0.0000	1.8578	0.1798
			VH2SF	0.0000	2.4771	0.2397
			VH2SD	0.0011	2.8408	0.2334
			VH2SOP	0.0011	0.8211	0.1442
	28	32	H2S	0.0000	0.4866	0.0474
			VH2SF	0.0000	0.4866	0.0474
			VH2SD	0.0013	0.2890	0.0390
			VH2SOP	0.0013	0.2239	0.0352
	42	16	H2S	0.0000	2.0259	0.3668
			VH2SF	0.0000	4.0518	0.7335
			VH2SD	0.0536	2.3820	0.7919
			VH2SOP	0.0536	1.8694	0.6015

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,2	44	32	H2S	0.0000	1.3327	0.1272
			VH2SF	0.0000	1.3327	0.1272
			VH2SD	0.0042	1.0939	0.1342
			VH2SOP	0.0042	0.4909	0.1086
	46	48	H2S	0.0000	0.7724	0.1083
			VH2SF	0.0000	0.5150	0.0722
			VH2SD	0.0034	0.4568	0.0735
			VH2SOP	0.0034	0.3019	0.0607
	48	64	H2S	0.0000	0.6738	0.0956
			VH2SF	0.0000	0.3369	0.0478
			VH2SD	0.0020	0.3638	0.0482
			VH2SOP	0.0020	0.2529	0.0416
	62	24	H2S	0.0000	1.8453	0.3743
			VH2SF	0.0000	2.4605	0.4991
			VH2SD	0.0988	1.8054	0.5433
			VH2SOP	0.0988	1.0196	0.4194
	64	48	H2S	0.0000	0.9025	0.1282
			VH2SF	0.0000	0.6017	0.0855
			VH2SD	0.0148	0.5042	0.1021
			VH2SOP	0.0148	0.3051	0.0887
	66	72	H2S	0.0000	0.4870	0.0637
			VH2SF	0.0000	0.2165	0.0283
			VH2SD	0.0038	0.1673	0.0392
			VH2SOP	0.0038	0.1332	0.0362

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,2	68	96	H2S	0.0000	0.4050	0.0690
			VH2SF	0.0000	0.1350	0.0230
			VH2SD	0.0032	0.1264	0.0266
			VH2SOP	0.0032	0.1038	0.0243
	82	32	H2S	0.0000	1.9342	0.2526
			VH2SF	0.0000	1.9342	0.2526
			VH2SD	0.0506	1.1764	0.3836
			VH2SOP	0.0492	1.0259	0.3185
	84	64	H2S	0.0000	0.7905	0.1179
			VH2SF	0.0000	0.3952	0.0590
			VH2SD	0.0112	0.3117	0.0778
			VH2SOP	0.0112	0.2330	0.0683
	86	96	H2S	0.0000	0.4493	0.0597
			VH2SF	0.0000	0.1498	0.0199
			VH2SD	0.0064	0.1483	0.0309
			VH2SOP	0.0064	0.1177	0.0286
	88	128	H2S	0.0000	0.2336	0.0454
			VH2SF	0.0000	0.0584	0.0113
			VH2SD	0.0015	0.0450	0.0163
			VH2SOP	0.0015	0.0414	0.0155
0,4	22	4	H2S	0.0000	2.9808	0.3640
			VH2SF	0.0000	11.9233	1.4559
			VH2SD	0.0000	7.1326	1.1632
			VH2SOP	0.0000	2.4842	0.7426

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne & Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,4	24	16	H2S	0.0000	1.6021	0.2578
			H2SF	0.0000	3.2041	0.5156
			VH2SD	0.0009	2.1304	0.3892
			VH2SOP	0.0009	0.9180	0.2546
	26	24	H2S	0.0000	1.0864	0.1303
			VH2SF	0.0000	1.4485	0.1738
			VH2SD	0.0030	1.2254	0.1435
			VH2SOP	0.0030	0.6550	0.1066
	28	32	H2S	0.0000	0.9460	0.1187
			VH2SF	0.0000	0.9460	0.1187
			VH2SD	0.0022	1.0277	0.1038
			VH2SOP	0.0022	0.6035	0.0745
	42	16	H2S	0.0000	2.6575	0.3340
			VH2SF	0.0000	5.3150	0.6680
			VH2SD	0.0679	3.1255	0.8098
			VH2SOP	0.0618	1.5741	0.5980
	44	32	H2S	0.0000	0.8798	0.1196
			VH2SF	0.0000	0.8798	0.1196
			VH2SD	0.0050	0.3848	0.1269
			VH2SOP	0.0050	0.2936	0.1128
	46	48	H2S	0.0000	0.7390	0.0920
			VH2SF	0.0000	0.4926	0.0613
			VH2SD	0.0012	0.3573	0.0761
			VH2SOP	0.0012	0.2386	0.0675

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,4	48	64	H2S	0.0000	0.5639	0.0833
			VH2SF	0.0000	0.2819	0.0417
			VH2SD	0.0020	0.2368	0.0386
			VH2SOP	0.0020	0.1755	0.0346
	62	24	H2S	0.0000	1.6938	0.3073
			VH2SF	0.0000	2.2583	0.4098
			VH2SD	0.0638	1.5363	0.5572
			VH2SOP	0.0638	1.4686	0.4605
	64	48	H2S	0.0000	0.7513	0.1206
			VH2SF	0.0000	0.5009	0.0804
			VH2SD	0.0148	0.3302	0.1088
			VH2SOP	0.0148	0.2633	0.0960
	66	72	H2S	0.0000	0.3586	0.0529
			VH2SF	0.0000	0.1594	0.0235
			VH2SD	0.0044	0.1422	0.0368
			VH2SOP	0.0044	0.1185	0.0347
	68	96	H2S	0.0000	0.6572	0.0794
			VH2SF	0.0000	0.2191	0.0265
			VH2SD	0.0021	0.2075	0.0301
			VH2SOP	0.0021	0.1455	0.0269
	82	32	H2S	0.0000	1.2640	0.2613
			VH2SF	0.0000	1.2640	0.2613
			VH2SD	0.0296	1.0136	0.4295
			VH2SOP	0.0296	0.8992	0.3630

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,4	84	64	H2S	0.0000	1.0163	0.1090
			VH2SF	0.0000	0.5081	0.0545
			VH2SD	0.0065	0.4487	0.0820
			VH2SOP	0.0065	0.2520	0.0718
	86	96	H2S	0.0000	0.4787	0.0686
			VH2SF	0.0000	0.1596	0.0229
			VH2SD	0.0054	0.1580	0.0331
			VH2SOP	0.0054	0.1231	0.0306
	88	128	H2S	0.0000	0.3534	0.0575
			VH2SF	0.0000	0.0883	0.0144
			VH2SD	0.0020	0.0708	0.0177
			VH2SOP	0.0020	0.0610	0.0164
0,6	22	8	H2S	0.0000	1.8531	0.3251
			VH2SF	0.0000	7.4126	1.3005
			VH2SD	0.0030	5.3066	1.2811
			VH2SOP	0.0029	4.3090	0.9458
	24	16	H2S	0.0000	1.7230	0.2427
			VH2SF	0.0000	3.4460	0.4855
			VH2SD	0.0080	2.9327	0.3529
			VH2SOP	0.0080	0.9620	0.2204
	26	24	H2S	0.0000	1.4499	0.1334
			VH2SF	0.0000	1.9332	0.1779
			VH2SD	0.0023	1.9195	0.1518
			VH2SOP	0.0023	0.7862	0.1035

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,6	28	32	H2S	0.0000	1.2900	0.0639
			VH2SF	0.0000	1.2900	0.0639
			VH2SD	0.0007	1.4528	0.0701
			VH2SOP	0.0007	0.6706	0.0488
	42	16	H2S	0.0000	1.7847	0.3710
			VH2SF	0.0000	3.5693	0.7419
			VH2SD	0.0099	2.2177	0.6544
			VH2SOP	0.0099	1.3441	0.4978
	44	32	H2S	0.0000	0.9575	0.1125
			VH2SF	0.0000	0.9575	0.1125
			VH2SD	0.0044	0.5301	0.1162
			VH2SOP	0.0044	0.3342	0.1011
	46	48	H2S	0.0000	0.4153	0.0683
			VH2SF	0.0000	0.2769	0.0455
			VH2SD	0.0073	0.2404	0.0531
			VH2SOP	0.0073	0.1942	0.0488
	48	64	H2S	0.0000	0.3840	0.0601
			VH2SF	0.0000	0.1920	0.0300
			VH2SD	0.0008	0.1676	0.0333
			VH2SOP	0.0008	0.1418	0.0306
	62	24	H2S	0.0000	2.2859	0.2956
			VH2SF	0.0000	3.0478	0.3941
			VH2SD	0.0400	2.0999	0.6028
			VH2SOP	0.0400	1.0794	0.4820

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,6	64	48	H2S	0.0000	0.8243	0.1292
			VH2SF	0.0000	0.5495	0.0861
			VH2SD	0.0069	0.4472	0.1094
			VH2SOP	0.0069	0.2844	0.0957
	66	72	H2S	0.0000	0.4216	0.0537
			VH2SF	0.0000	0.1874	0.0238
			VH2SD	0.0035	0.1540	0.0367
			VH2SOP	0.0035	0.1239	0.0344
	68	96	H2S	0.0000	0.4652	0.0706
			VH2SF	0.0000	0.1551	0.0235
			VH2SD	0.0033	0.1353	0.0246
			VH2SOP	0.0033	0.1061	0.0227
	82	32	H2S	0.0000	2.0678	0.3096
			VH2SF	0.0000	2.0678	0.3096
			VH2SD	0.0492	1.4783	0.4036
			VH2SOP	0.0492	0.8206	0.3164
	84	64	H2S	0.0000	0.6413	0.0932
			VH2SF	0.0000	0.3207	0.0466
			VH2SD	0.0103	0.2708	0.0706
			VH2SOP	0.0103	0.2127	0.0648
	86	96	H2S	0.0000	0.4894	0.0639
			VH2SF	0.0000	0.1631	0.0213
			VH2SD	0.0047	0.1369	0.0296
			VH2SOP	0.0047	0.1060	0.0269

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,6	88	128	H2S	0.0000	0.3120	0.0571
			VH2SF	0.0000	0.0780	0.0143
			VH2SD	0.0021	0.0660	0.0193
			VH2SOP	0.0021	0.0563	0.0183
0,8	22	8	H2S	0.0000	2.9706	0.3616
			VH2SF	0.0000	11.8824	1.4464
			VH2SD	0.0179	6.3150	1.3357
			VH2SOP	0.0179	2.7987	0.8239
	24	16	H2S	0.0000	1.3974	0.2275
			VH2SF	0.0000	2.7949	0.4550
			VH2SD	0.0080	2.1747	0.4004
			VH2SOP	0.0080	0.9976	0.2669
	26	24	H2S	0.0000	1.0683	0.1778
			VH2SF	0.0000	1.4243	0.2370
			VH2SD	0.0016	1.0286	0.1912
			VH2SOP	0.0016	0.6708	0.1435
	28	32	H2S	0.0000	0.9040	0.1045
			VH2SF	0.0000	0.9040	0.1045
			VH2SD	0.0018	0.8359	0.0831
			VH2SOP	0.0018	0.5036	0.0624
	42	16	H2S	0.0000	2.7624	0.4518
			VH2SF	0.0000	5.5248	0.9036
			VH2SD	0.0947	3.9817	0.8305
			VH2SOP	0.0947	1.4575	0.5538

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H²S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH²SF), Dickerson (VH²SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H²).

H ²	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,8	44	32	H ² S	0.0000	1.5473	0.1367
			VH ² SF	0.0000	1.5473	0.1367
			VH ² SD	0.0159	1.3396	0.1591
			VH ² SOP	0.0159	0.5081	0.1222
	46	48	H ² S	0.0000	1.0659	0.1116
			VH ² SF	0.0000	0.7106	0.0744
			VH ² SD	0.0041	0.7084	0.0814
			VH ² SOP	0.0041	0.3837	0.0670
	48	64	H ² S	0.0000	0.4968	0.0871
			VH ² SF	0.0000	0.2484	0.0436
			VH ² SD	0.0042	0.1881	0.0413
			VH ² SOP	0.0042	0.1480	0.0372
	62	24	H ² S	0.0000	1.3453	0.2373
			VH ² SF	0.0000	1.7937	0.3164
			VH ² SD	0.0725	1.3683	0.4795
			VH ² SOP	0.0725	0.9789	0.4136
	64	48	H ² S	0.0000	0.6434	0.1339
			VH ² SF	0.0000	0.4289	0.0893
			VH ² SD	0.0044	0.4327	0.1064
			VH ² SOP	0.0044	0.3125	0.0927
0,8	66	72	H ² S	0.0000	0.8870	0.0686
			VH ² SF	0.0000	0.3942	0.0305
			VH ² SD	0.0029	0.4152	0.0413
			VH ² SOP	0.0029	0.2532	0.0358

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,8	68	96	H2S	0.0000	0.3433	0.0598
			VH2SF	0.0000	0.1144	0.0199
			VH2SD	0.0022	0.0999	0.0232
			VH2SOP	0.0022	0.0838	0.0216
	82	32	H2S	0.0000	1.2832	0.2169
			VH2SF	0.0000	1.2832	0.2169
			VH2SD	0.0540	1.0001	0.3823
			VH2SOP	0.0466	0.7474	0.3389
	84	64	H2S	0.0000	0.5706	0.0938
			VH2SF	0.0000	0.2853	0.0469
			VH2SD	0.0144	0.3242	0.0734
			VH2SOP	0.0144	0.2405	0.0663
	86	96	H2S	0.0000	0.6241	0.0834
			VH2SF	0.0000	0.2080	0.0278
			VH2SD	0.0024	0.1827	0.0354
			VH2SOP	0.0024	0.1308	0.0315
	88	128	H2S	0.0000	0.2534	0.0539
			VH2SF	0.0000	0.0633	0.0135
			VH2SD	0.0017	0.0579	0.0197
			VH2SOP	0.0017	0.0522	0.0188
1,0	22	8	H2S	0.0000	2.5415	0.3627
			VH2SF	0.0000	10.1661	1.4508
			VH2SD	0.0011	5.6639	1.0778
			VH2SOP	0.0011	2.2807	0.6496

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
1,0	24	16	H2S	0.0000	1.9014	0.2129
			VH2SF	0.0000	3.8029	0.4258
			VH2SD	0.0018	2.8764	0.3922
			VH2SOP	0.0018	1.0441	0.2417
	26	24	H2S	0.0000	1.4975	0.1431
			VH2SF	0.0000	1.9966	0.1908
			VH2SD	0.0055	1.8394	0.1801
			VH2SOP	0.0055	0.7266	0.1200
	28	32	H2S	0.0000	0.8798	0.1293
			VH2SF	0.0000	0.8798	0.1293
			VH2SD	0.0008	0.8613	0.1058
			VH2SOP	0.0008	0.5274	0.0827
	42	16	H2S	0.0000	1.9135	0.2979
			VH2SF	0.0000	3.8269	0.5957
			VH2SD	0.0297	2.5268	0.7264
			VH2SOP	0.0277	1.8321	0.5669
	44	32	H2S	0.0000	1.3389	0.2195
			VH2SF	0.0000	1.3389	0.2195
			VH2SD	0.0027	0.9546	0.1711
			VH2SOP	0.0027	0.4252	0.1308
	46	48	H2S	0.0000	0.4795	0.1061
			VH2SF	0.0000	0.3197	0.0707
			VH2SD	0.0028	0.2221	0.0692
			VH2SOP	0.0028	0.1828	0.0622

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
1,0	48	64	H2S	0.0000	0.5331	0.0783
			VH2SF	0.0000	0.2665	0.0391
			VH2SD	0.0020	0.2127	0.0412
			VH2SOP	0.0020	0.1666	0.0369
	62	24	H2S	0.0000	1.6269	0.2455
			VH2SF	0.0000	2.1691	0.3273
			VH2SD	0.0110	1.6576	0.5165
			VH2SOP	0.0108	0.9943	0.4297
	64	48	H2S	0.0000	0.6455	0.1126
			VH2SF	0.0000	0.4303	0.0751
			VH2SD	0.0060	0.3321	0.0988
			VH2SOP	0.0060	0.2362	0.0882
	66	72	H2S	0.0000	0.5402	0.0778
			VH2SF	0.0000	0.2401	0.0346
			VH2SD	0.0057	0.1986	0.0385
			VH2SOP	0.0057	0.1545	0.0349
	68	96	H2S	0.0000	0.5048	0.0784
			VH2SF	0.0000	0.1683	0.0261
			VH2SD	0.0032	0.1572	0.0300
			VH2SOP	0.0032	0.1206	0.0270
	82	32	H2S	0.0000	1.8513	0.2661
			VH2SF	0.0000	1.8513	0.2661
			VH2SD	0.0650	1.1027	0.3596
			VH2SOP	0.0650	0.7700	0.2963

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
1,0	84	64	H2S	0.0000	0.8135	0.1100
			VH2SF	0.0000	0.4068	0.0550
			VH2SD	0.0081	0.3465	0.0760
			VH2SOP	0.0081	0.2218	0.0680
	86	96	H2S	0.0000	0.3750	0.0680
			VH2SF	0.0000	0.1250	0.0227
			VH2SD	0.0035	0.0925	0.0315
			VH2SOP	0.0035	0.0787	0.0296
	88	128	H2S	0.0000	0.3308	0.0469
			VH2SF	0.0000	0.0827	0.0117
			VH2SD	0.0029	0.0648	0.0167
			VH2SOP	0.0029	0.0547	0.0158
0,0	1010	200	H2S	0.0000	0.2279	0.0283
			VH2SF	0.0000	0.0365	0.0045
			VH2SD	0.0014	0.0344	0.0082
			VH2SOP	0.0014	0.0307	0.0080
	1020	400	H2S	0.0000	0.1432	0.0207
			VH2SF	0.0000	0.0115	0.0017
			VH2SD	0.0002	0.0108	0.0023
			VH2SOP	0.0002	0.0101	0.0022
	1030	600	H2S	0.0000	0.1318	0.0127
			VH2SF	0.0000	0.0070	0.0007
			VH2SD	0.0001	0.0072	0.0010
			VH2SOP	0.0001	0.0068	0.0010

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,0	3010	600	H2S	0.0000	0.1731	0.0191
			VH2SF	0.0000	0.0092	0.0010
			VH2SD	0.0005	0.0083	0.0028
			VH2SOP	0.0005	0.0076	0.0028
	3020	1200	H2S	0.0000	0.0660	0.0071
			VH2SF	0.0000	0.0018	0.0002
			VH2SD	0.0002	0.0016	0.0006
			VH2SOP	0.0002	0.0016	0.0006
	3030	1800	H2S	0.0000	0.0614	0.0065
			VH2SF	0.0000	0.0011	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0010	0.0003
			VH2SOP	0.0001	0.0009	0.0003
	5010	1000	H2S	0.0000	0.1087	0.0157
			VH2SF	0.0000	0.0035	0.0005
			VH2SD	0.0008	0.0038	0.0017
			VH2SOP	0.0008	0.0036	0.0017
	5020	2000	H2S	0.0000	0.0384	0.0077
			VH2SF	0.0000	0.0006	0.0001
			VH2SD	0.0002	0.0007	0.0004
			VH2SOP	0.0002	0.0007	0.0004
	5030	3000	H2S	0.0000	0.0396	0.0074
			VH2SF	0.0000	0.0004	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0004	0.0002
			VH2SOP	0.0001	0.0004	0.0002

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,2	1010	200	H2S	0.0000	0.3924	0.0446
			VH2SF	0.0000	0.0628	0.0071
			VH2SD	0.0016	0.0581	0.0107
			VH2SOP	0.0016	0.0474	0.0101
	1020	400	H2S	0.0000	0.2005	0.0261
			VH2SF	0.0000	0.0160	0.0021
			VH2SD	0.0002	0.0155	0.0027
			VH2SOP	0.0002	0.0140	0.0026
	1030	600	H2S	0.0000	0.1062	0.0154
			VH2SF	0.0000	0.0057	0.0008
			VH2SD	0.0001	0.0053	0.0011
			VH2SOP	0.0001	0.0050	0.0011
	3010	600	H2S	0.0000	0.0987	0.0275
			VH2SF	0.0000	0.0053	0.0015
			VH2SD	0.0008	0.0053	0.0030
			VH2SOP	0.0008	0.0051	0.0029
	3020	1200	H2S	0.0000	0.0507	0.0090
			VH2SF	0.0000	0.0014	0.0002
			VH2SD	0.0002	0.0016	0.0007
			VH2SOP	0.0002	0.0015	0.0007
	3030	1800	H2S	0.0000	0.0500	0.0066
			VH2SF	0.0000	0.0009	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0008	0.0003
			VH2SOP	0.0001	0.0008	0.0003

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,2	5010	1000	H2S	0.0000	0.1053	0.0128
			VH2SF	0.0000	0.0034	0.0004
			VH2SD	0.0006	0.0040	0.0017
			VH2SOP	0.0006	0.0038	0.0017
	5020	2000	H2S	0.0000	0.0370	0.0078
			VH2SF	0.0000	0.0006	0.0001
			VH2SD	0.0002	0.0007	0.0004
			VH2SOP	0.0002	0.0007	0.0004
	5030	3000	H2S	0.0000	0.0419	0.0060
			VH2SF	0.0000	0.0004	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0005	0.0002
			VH2SOP	0.0001	0.0004	0.0002
0,4	1010	200	H2S	0.0000	0.2402	0.0366
			VH2SF	0.0000	0.0384	0.0059
			VH2SD	0.0015	0.0354	0.0089
			VH2SOP	0.0015	0.0313	0.0085
	1020	400	H2S	0.0000	0.1321	0.0170
			VH2SF	0.0000	0.0106	0.0014
			VH2SD	0.0002	0.0103	0.0021
			VH2SOP	0.0002	0.0096	0.0021
	1030	600	H2S	0.0000	0.1280	0.0157
			VH2SF	0.0000	0.0068	0.0008
			VH2SD	0.0001	0.0060	0.0011
			VH2SOP	0.0001	0.0056	0.0011

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,4	3010	600	H2S	0.0000	0.2018	0.0218
			VH2SF	0.0000	0.0108	0.0012
			VH2SD	0.0008	0.0102	0.0030
			VH2SOP	0.0008	0.0092	0.0029
	3020	1200	H2S	0.0000	0.0669	0.0090
			VH2SF	0.0000	0.0018	0.0002
			VH2SD	0.0002	0.0018	0.0007
			VH2SOP	0.0002	0.0018	0.0007
	3030	1800	H2S	0.0000	0.0369	0.0069
			VH2SF	0.0000	0.0007	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0007	0.0003
			VH2SOP	0.0001	0.0007	0.0003
	5010	1000	H2S	0.0000	0.1270	0.0149
			VH2SF	0.0000	0.0041	0.0005
			VH2SD	0.0008	0.0039	0.0017
			VH2SOP	0.0008	0.0037	0.0017
	5020	2000	H2S	0.0000	0.0556	0.0085
			VH2SF	0.0000	0.0009	0.0001
			VH2SD	0.0002	0.0010	0.0005
			VH2SOP	0.0002	0.0010	0.0005
	5030	3000	H2S	0.0000	0.0347	0.0038
			VH2SF	0.0000	0.0004	0.0000
			VH2SD	0.0001	0.0004	0.0002
			VH2SOP	0.0001	0.0004	0.0002

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,6	1010	200	H2S	0.0000	0.2299	0.0342
			VH2SF	0.0000	0.0368	0.0055
			VH2SD	0.0011	0.0295	0.0084
			VH2SOP	0.0011	0.0270	0.0081
	1020	400	H2S	0.0000	0.1122	0.0160
			VH2SF	0.0000	0.0090	0.0013
			VH2SD	0.0002	0.0085	0.0020
			VH2SOP	0.0002	0.0080	0.0019
	1030	600	H2S	0.0000	0.1452	0.0150
			VH2SF	0.0000	0.0077	0.0008
			VH2SD	0.0001	0.0073	0.0011
			VH2SOP	0.0001	0.0067	0.0011
	3010	600	H2S	0.0000	0.1292	0.0216
			VH2SF	0.0000	0.0069	0.0012
			VH2SD	0.0011	0.0067	0.0030
			VH2SOP	0.0011	0.0063	0.0030
	3020	1200	H2S	0.0000	0.0979	0.0109
			VH2SF	0.0000	0.0026	0.0003
			VH2SD	0.0001	0.0026	0.0007
			VH2SOP	0.0001	0.0025	0.0007
	3030	1800	H2S	0.0000	0.0372	0.0058
			VH2SF	0.0000	0.0007	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0007	0.0003
			VH2SOP	0.0001	0.0007	0.0003

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,6	3030	1800	H2S	0.0000	0.0372	0.0058
			VH2SF	0.0000	0.0007	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0007	0.0003
			VH2SOP	0.0001	0.0007	0.0003
	5010	1000	H2S	0.0000	0.1184	0.0141
			VH2SF	0.0000	0.0038	0.0005
			VH2SD	0.0005	0.0042	0.0017
			VH2SOP	0.0005	0.0039	0.0017
	5020	2000	H2S	0.0000	0.0465	0.0072
			VH2SF	0.0000	0.0007	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0008	0.0004
			VH2SOP	0.0001	0.0008	0.0004
	5030	3000	H2S	0.0000	0.0227	0.0049
			VH2SF	0.0000	0.0002	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0003	0.0002
			VH2SOP	0.0001	0.0003	0.0002
0,8	1010	200	H2S	0.0000	0.3024	0.0433
			VH2SF	0.0000	0.0484	0.0069
			VH2SD	0.0017	0.0440	0.0096
			VH2SOP	0.0017	0.0377	0.0091
	1020	400	H2S	0.0000	0.1130	0.0231
			VH2SF	0.0000	0.0090	0.0018
			VH2SD	0.0002	0.0082	0.0024
			VH2SOP	0.0002	0.0078	0.0023

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,8	1030	600	H2S	0.0000	0.0632	0.0091
			VH2SF	0.0000	0.0034	0.0005
			VH2SD	0.0001	0.0026	0.0009
			VH2SOP	0.0001	0.0026	0.0009
	3010	600	H2S	0.0000	0.1361	0.0193
			VH2SF	0.0000	0.0073	0.0010
			VH2SD	0.0007	0.0073	0.0028
			VH2SOP	0.0007	0.0069	0.0028
	3020	1200	H2S	0.0000	0.0691	0.0084
			VH2SF	0.0000	0.0018	0.0002
			VH2SD	0.0002	0.0017	0.0007
			VH2SOP	0.0002	0.0016	0.0007
	3030	1800	H2S	0.0000	0.0624	0.0071
			VH2SF	0.0000	0.0011	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0011	0.0003
			VH2SOP	0.0001	0.0011	0.0003
	5010	1000	H2S	0.0000	0.1098	0.0102
			VH2SF	0.0000	0.0035	0.0003
			VH2SD	0.0007	0.0034	0.0015
			VH2SOP	0.0007	0.0032	0.0015
	5020	2000	H2S	0.0000	0.0443	0.0072
			VH2SF	0.0000	0.0007	0.0001
			VH2SD	0.0002	0.0008	0.0004
			VH2SOP	0.0002	0.0008	0.0004

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
0,8	5030	3000	H2S	0.0000	0.0366	0.0048
			VH2SF	0.0000	0.0004	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0004	0.0002
			VH2SOP	0.0001	0.0004	0.0002
1,0	1010	200	H2S	0.0000	0.2357	0.0396
			VH2SF	0.0000	0.0377	0.0063
			VH2SD	0.0008	0.0284	0.0089
			VH2SOP	0.0008	0.0252	0.0085
	1020	400	H2S	0.0000	0.1058	0.0152
			VH2SF	0.0000	0.0085	0.0012
			VH2SD	0.0002	0.0065	0.0021
			VH2SOP	0.0002	0.0061	0.0020
	1030	600	H2S	0.0000	0.0540	0.0121
			VH2SF	0.0000	0.0029	0.0006
			VH2SD	0.0001	0.0025	0.0010
			VH2SOP	0.0001	0.0024	0.0010
	3010	600	H2S	0.0000	0.1223	0.0270
			VH2SF	0.0000	0.0065	0.0014
			VH2SD	0.0005	0.0067	0.0030
			VH2SOP	0.0005	0.0063	0.0030
	3020	1200	H2S	0.0000	0.0692	0.0142
			VH2SF	0.0000	0.0018	0.0004
			VH2SD	0.0002	0.0019	0.0007
			VH2SOP	0.0002	0.0018	0.0007

(continua)

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (H2S) e variância do coeficiente de herdabilidade, estimada pelas fórmulas de Falconer (VH2SF), Dickerson (VH2SD) e Osborne e Paterson, para diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H2).

H2	Caso	N Obs	Estatística	Mínimo	Máximo	Média
1,0	3030	1800	H2S	0.0000	0.0581	0.0071
			VH2SF	0.0000	0.0010	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0010	0.0003
			VH2SOP	0.0001	0.0009	0.0003
	5010	1000	H2S	0.0000	0.1247	0.0243
			VH2SF	0.0000	0.0040	0.0008
			VH2SD	0.0005	0.0043	0.0019
			VH2SOP	0.0005	0.0040	0.0019
	5020	2000	H2S	0.0000	0.0599	0.0089
			VH2SF	0.0000	0.0010	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0009	0.0004
			VH2SOP	0.0001	0.0009	0.0004
	5030	3000	H2S	0.0000	0.0251	0.0048
			VH2SF	0.0000	0.0003	0.0001
			VH2SD	0.0001	0.0003	0.0002
			VH2SOP	0.0001	0.0003	0.0002

A tabela 1, mostra que, para a estatística H2S, estimativa do coeficiente de herdabilidade, o valor mínimo é sempre zero. Isto acontece, devido à ocorrência de estimativas negativas dos componentes de variância, as quais foram admitidas como nulas. Como consequência, tem-se altas frequências de se obter estimativas negativas do coeficiente de herdabilidade, (Apêndice 1).

O valor mínimo para a estatística $VH2SF$, variância estimada pela fórmula de Falconer, foi sempre zero. Isto ocorre devido ao emprego da fórmula, que é função apenas do coeficiente de herdabilidade.

Para a estatística $H2S$, coeficiente de herdabilidade estimado, pode-se observar valores máximos maiores que 1. Este fato deve-se ao intervalo de variação desta variável, conforme pode-se observar em SINGH (1993).

Para as estatísticas $VH2SD$, variância estimada pela fórmula de Dickerson e $VH2SOP$, variância estimada pela fórmula de Osborne e Paterson, adaptada por Barbin, os valores mínimos praticamente não diferem. Na maioria dos casos, os máximos e as médias foram menores, quando empregou-se a fórmula de Osborne e Paterson, adaptada por Barbin. Para grandes amostras, os valores mínimos, máximos e as médias praticamente não diferem.

5. CONCLUSÕES

Neste trabalho, podemos concluir, de uma maneira geral, que:

5.1. O emprego do método dos momentos para estimar os componentes de variância do modelo e, conseqüentemente, a estimativa do coeficiente de herdabilidade, apresenta uma desvantagem, devido às altas frequências de ocorrência de estimativas negativas do coeficiente herdabilidade, o que confirma GILL e JENSEN (1968).

5.2. Quando se emprega o método dos momentos para estimar o coeficiente de herdabilidade e admiti-se as estimativas dos componentes de variância do modelo como nulas, a fórmula proposta por FALCONER (1960), mostra-se ineficiente devido às elevadas frequências de ocorrência de estimativas negativas do coeficiente herdabilidade.

5.3. Para pequenas amostras, as fórmulas de DICKERSON (1969) e OSBORNE e PATERSON (1952), adaptada por BARBIN (1969), para estimar a variância do coeficiente de herdabilidade, claramente diferem entre si. Entretanto, a fórmula de OSBORNE e PATERSON, adaptada por BARBIN (1969), sempre apresentou menor variância dentre todas as situações simuladas. Mas, à medida que aumenta-se o tamanho da amostra, quer seja pelo aumento do número de machos ou

fêmeas, as variâncias tendem a tornarem-se iguais, ou mesmo igual para grandes amostras.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBIN, D. A herdabilidade do peso aos dezoito meses do gado Canchin. Piracicaba, 1969. 67p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- BOX, G. E. & MULLER, M. E. A note on the geration of random normal deviates. **Annals of Mathematical Statistics**, Ann Arbor, **29**: 610 - 11, 1958.
- BROEMELING, L. D. Confidence intervals for variance measure of heritability. **Biometrics**, Washington, **25**: 424 - 27, 1969.
- DICKERSON, G. E. Techniques for research in quantitative animal genetics. In: techniques and procedures in animal production research. **American Society of Animal Science**, New York. 1969. 228p.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. Edinburgh, Oliver and Boyd, 1960. 365p.
- FISHER, R. A. **Statistical methods for research workers**. Edinburgh, Oliver and Boyd, 1954. 362p.
- GILL, J. L. & JENSEN, E. L. Probability of obtaining negative estimates of heritability. **Biometrics**, Washington, **24**: 517 - 26, 1968.
- GRAYBILL, F. A.; MARTIN, F.; GODFREY, G. Confidence intervals for variance ratios specifying genetic heritability. **Biometrics**, Washington, **12**: 99 - 109, 1956.
- HILL, B. M. Inference about variance components in the one-way model. **Journal of American Statistical Association**, Washington, **60**: 806 - 25, 1965.

- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Iowa, Iowa State University Press, 1957. 545p.
- KEMPTHORNE, O. Comments on Searle's paper. **Biometrics**, Washington, **40**: 782 - 84, 1968.
- KILLAM, B. An overview of the SAS system random number generators. In: ANNUAL SAS USERS GROUP INTERNATIONAL CONFERENCE, 12. , Dallas, 1987. Proceedings. Cary, SAS INSTITUTE, 1987. p. 1059 - 64.
- NELDER, J. A. The interpretation of negative components of variance. **Biometrika**, Londres, **41**: 544 - 48, 1954.
- OSBORNE, R. & PATERSON, W. S. B. On the sampling variance of heritability estimates derived from variance analysis. **Proceedings of the Royal Society**, Edinburgh, **64**: 456 - 61, 1952.
- ROBERTSON, A. Experimental design in the evaluation of genetic parameters. **Biometrics**, Washington, **15**: 219 - 226, 1959.
- SILVA, R. G. **Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal**. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162p.
- SINGH, B. On the estimation of heritability from unbalanced data. **Biometrical Journal**, Berlin, **35**: 823 - 31, 1993.
- SWINGER, L. A.; HARVEY, W. R.; EVERSON, D. O.; GREGORY, K. E. The variance of intraclass correlation involving groups with one observation. **Biometrics**, Washington, **20**: 818 - 26, 1964.
- VANVLECK, L. D. & HENDERSON, C. R. Empirical sampling estimates of genetic correlations. **Biometrics**, Washington, **17**: 359 - 371, 1961.

APÊNDICE 1

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H^2	Freq	%
0,0	22	0	28	56.0
		1	22	44.0
	24	0	28	56.0
		1	22	44.0
	26	0	27	54.0
		1	23	46.0
	28	0	24	48.0
		1	26	52.0
	42	0	26	52.0
		1	24	48.0
	44	0	27	54.0
		1	23	46.0
	46	0	26	52.0
		1	24	48.0
	48	0	30	60.0
		1	20	40.0
	62	0	24	48.0
		1	26	52.0
	64	0	31	62.0
		1	19	38.0
	66	0	28	56.0
		1	22	44.0
	68	0	36	72.0
		1	14	28.0
	82	0	26	52.0
		1	24	48.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,0	84	0	24	48.0
		1	26	52.0
	86	0	33	66.0
		1	17	34.0
	88	0	32	64.0
		1	18	36.0
0,2	22	0	28	56.0
		1	22	44.0
	24	0	24	48.0
		1	26	52.0
	26	0	34	68.0
		1	16	32.0
	28	0	37	74.0
		1	13	26.0
	42	0	26	52.0
		1	24	48.0
	44	0	33	66.0
		1	17	34.0
	46	0	28	56.0
		1	22	44.0
	48	0	26	52.0
		1	24	48.0
	62	0	19	38.0
		1	31	62.0
	64	0	28	56.0
		1	22	44.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,4	66	0	29	58.0
		1	21	42.0
	68	0	26	52.0
		1	24	48.0
	82	0	24	48.0
		1	26	52.0
	84	0	27	54.0
		1	23	46.0
	86	0	32	64.0
		1	18	36.0
	88	0	27	54.0
		1	23	46.0
	22	0	28	56.0
		1	22	44.0
	24	0	28	56.0
		1	22	44.0
	26	0	30	60.0
		1	20	40.0
	28	0	36	72.0
		1	14	28.0
	42	0	27	54.0
		1	23	46.0
	44	0	28	56.0
		1	22	44.0
	46	0	26	52.0
		1	24	48.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,4	48	0	24	48.0
		1	26	52.0
	62	0	30	60.0
		1	20	40.0
	64	0	27	54.0
		1	23	46.0
	66	0	33	66.0
		1	17	34.0
	68	0	29	58.0
		1	21	42.0
	82	0	26	52.0
		1	24	48.0
	84	0	25	50.0
		1	25	50.0
	86	0	26	52.0
		1	24	48.0
	88	0	30	60.0
		1	20	40.0
0,6	22	0	27	54.0
		1	23	46.0
	24	0	31	62.0
		1	19	38.0
	26	0	35	70.0
		1	15	30.0
	28	0	38	76.0
		1	12	24.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
	42	0	26	52.0
		1	24	48.0
	44	0	32	64.0
		1	18	36.0
	46	0	29	58.0
		1	21	42.0
	48	0	29	58.0
		1	21	42.0
	62	0	30	60.0
		1	20	40.0
	64	0	24	48.0
		1	26	52.0
	66	0	28	56.0
		1	22	44.0
	68	0	27	54.0
		1	23	46.0
	82	0	20	40.0
		1	30	60.0
	84	0	29	58.0
		1	21	42.0
	86	0	33	66.0
		1	17	34.0
	88	0	24	48.0
		1	26	52.0
0,8	22	0	31	62.0
		1	19	38.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,8	24	0	32	64.0
		1	18	36.0
	26	0	28	56.0
		1	22	44.0
	28	0	32	64.0
		1	18	36.0
	42	0	19	38.0
		1	31	62.0
	44	0	34	68.0
		1	16	32.0
	46	0	24	48.0
		1	26	52.0
	48	0	25	50.0
		1	25	50.0
	62	0	29	58.0
		1	21	42.0
	64	0	28	56.0
		1	22	44.0
	66	0	31	62.0
		1	19	38.0
	68	0	27	54.0
		1	23	46.0
	82	0	26	52.0
		1	24	48.0
	84	0	28	56.0
		1	22	44.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,8	86	0	27	54.0
		1	23	46.0
	88	0	24	48.0
		1	26	52.0
1,0	22	0	32	64.0
		1	18	36.0
	24	0	37	74.0
		1	13	26.0
	26	0	33	66.0
		1	17	34.0
	28	0	30	60.0
		1	20	40.0
	42	0	30	60.0
		1	20	40.0
	44	0	22	44.0
		1	28	56.0
	46	0	25	50.0
		1	25	50.0
	48	0	28	56.0
		1	22	44.0
	62	0	23	46.0
		1	27	54.0
	64	0	27	54.0
		1	23	46.0
	66	0	33	66.0
		1	17	34.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H^2	Freq	%
1,0	68	0	25	50.0
		1	25	50.0
	82	0	26	52.0
		1	24	48.0
	84	0	28	56.0
		1	22	44.0
	86	0	24	48.0
		1	26	52.0
	88	0	31	62.0
		1	19	38.0
0,0	1010	0	30	60.0
		1	20	40.0
	1020	0	25	50.0
		1	25	50.0
	1030	0	28	56.0
		1	22	44.0
	3010	0	29	58.0
		1	21	42.0
	3020	0	30	60.0
		1	20	40.0
	3030	0	31	62.0
		1	19	38.0
	5010	0	28	56.0
		1	22	44.0
	5020	0	29	58.0
		1	21	42.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,0	5030	0	21	42.0
		1	29	58.0
0,2	1010	0	20	40.0
		1	30	60.0
	1020	0	27	54.0
		1	23	46.0
	1030	0	25	50.0
		1	25	50.0
	3010	0	23	46.0
		1	27	54.0
	3020	0	25	50.0
		1	25	50.0
	3030	0	30	60.0
		1	20	40.0
	5010	0	22	44.0
		1	28	56.0
	5020	0	26	52.0
		1	24	48.0
	5030	0	27	54.0
		1	23	46.0
0,4	1010	0	23	46.0
		1	27	54.0
	1020	0	29	58.0
		1	21	42.0
	1030	0	30	60.0
		1	20	40.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalmento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,4	3010	0	27	54.0
		1	23	46.0
	3020	0	28	56.0
		1	22	44.0
	3030	0	23	46.0
		1	27	54.0
	5010	0	26	52.0
		1	24	48.0
	5020	0	18	36.0
		1	32	64.0
	5030	0	36	72.0
		1	14	28.0
0,6	1010	0	29	58.0
		1	21	42.0
	1020	0	34	68.0
		1	16	32.0
	1030	0	24	48.0
		1	26	52.0
	3010	0	26	52.0
		1	24	48.0
	3020	0	25	50.0
		1	25	50.0
	3030	0	27	54.0
		1	23	46.0
	5010	0	28	56.0
		1	22	44.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalamento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
0,6	5020	0	29	58.0
		1	21	42.0
	5030	0	24	48.0
		1	26	52.0
0,8	1010	0	24	48.0
		1	26	52.0
	1020	0	23	46.0
		1	27	54.0
	1030	0	28	56.0
		1	22	44.0
	3010	0	28	56.0
		1	22	44.0
	3020	0	28	56.0
		1	22	44.0
	3030	0	28	56.0
		1	22	44.0
	5010	0	36	72.0
		1	14	28.0
	5020	0	26	52.0
		1	24	48.0
	5030	0	30	60.0
		1	20	40.0
1,0	1010	0	28	56.0
		1	22	44.0
	1020	0	27	54.0
		1	23	46.0

(continua)

Tabela 2. Frequências de ocorrências de estimativas negativas (0) e positivas (1) do coeficiente de herdabilidade (H^2) para vários casos de combinações de machos e fêmeas, com dois descendentes por acasalmento e diferentes coeficientes de herdabilidade esperados (H^2).

H^2	Caso	H2	Freq	%
1,0	1030	0	21	42.0
		1	29	58.0
	3010	0	24	48.0
		1	26	52.0
	3020	0	29	58.0
		1	21	42.0
	3030	0	26	52.0
		1	24	48.0
	5010	0	21	42.0
		1	29	58.0
	5020	0	29	58.0
		1	21	42.0
	5030	0	24	48.0
		1	26	52.0

APÊNDICE 2

Anexo 1. Programa computacional empregado na simulação dos dados, desenvolvido em linguagem "SAS", versão 6.04 para microcomputadores compatíveis com a linha IBM - PC.

```

options ps=500 nodate ls=70;
data saida1;                                /*faz a simulação dos dados*/
do I=10 to 50 by 20;
  do J=10 to 30 by 10;
    do K=2 to 2;                             /*I, J e K referem-se a variação de s, d e e*/
      do nex=1 to 50;                         /*número de repetições dentro do mesmo tipo*/
        do s=1 to I;                          /* de experimento */
          do d=1 to J;
            do e=1 to K;
              retain seed1 seed2 seed3 3217654;
              p1=0+sqrt(1)*rannor(seed1);
              p2=0+sqrt(1)*rannor(seed2);
              p3=0+sqrt(1)*rannor(seed3);
              h2e=1.0;                         /*h2e= coeficiente de herdabilidade esperada*/
              vr=1.0;                          /*variância do residuo*/
              mi=15;                           /*valor arbitrário para a média*/
              /*Sob a suposição de valor nulo para a variância genética não-aditiva*/
              vm=((h2e*vr)/(2*(2-h2e)));
              vrep=15+sqrt(vm)*p1+sqrt(vm)*p2+p3;
            if I<10 and J<10 then caso=100*I+10*J+K;
            else caso=(10000*I+100*J+10*K)/10;    /*caso indica diferentes combinações
                                                    de s, d e e*/
              output;
            end;
          end;
        end;
      end;
    end;
  end;
end;
keep s d e nex caso vrep I J K;

```

(continua)

```

proc anova noprint outstat=saida2;
  by caso nexp;
  class s d;
  model vrep = s d(s)/ss3;          /*realiza a análise de variância para cada experimento*/

data saida3;
  set saida2;
  keep caso nexp _source_ df ss;

data a1;                          /*guarda as SQ e GL para s dentro de cada experiemnto*/
  set saida3;
  if _source_ ^= 'S' then delete;
  gls=df; sqs=ss;
  keep caso nexp gls sqs;

data a2;                          /*guarda as SQ e GL para cada d(s) em cada experimento*/
  set saida3;
  if _source_ ^= 'D(S)' then delete;
  gld=df; sqd=ss;
  keep caso nexp gld sqd;

data a3;                          /*guarda as SQ e GL para cada e[d(s)] em cada experimento*/
  set saida3;
  if _source_ ^= 'ERROR' then delete;
  gle=df; sqe=ss;
  keep caso nexp gle sqe;

data junta;                       /*em cada linha há todas as informações de um experimento*/
  merge a1 a2 a3;
  by caso nexp;
  I=gls+1; J=(gld/I) + 1; K=gle/(I*J) + 1;
  V1=sqs/gls;
  V2=sqd/gld;
  V3=sqe/gle;
  E=v3;
  D=(v2-v3)/K;

```

(continua)

```

S=(v1-v2)/(J*K);
if D<0 then D=0;
if S<0 then S=0;
/*fórmula para o cálculo da estimativa do coef. herdabilidade*/
h2S=(4*S)/(S+D+E);
/*fórmulas necessárias para calcular a variância dos
coef. de herdabilidade, só vale para dados balanceados*/

VS=(2/(j*k)**2)*((v1**2)/(gls+2)+(v2**2)/(gld+2));
VD=(2/(k)**2)*((v2**2)/(gld+2)+(v3**2)/(gle+2));
VE=(2*(v3**2))/(gle+2);
COVED=(-1/K)*VE;covde=coved;
COVES=0;
COVDS=(-2/(J*K**2))*(v2**2/(gld+2));covsd=covds;

/*fórmula aproximada de DICKERSON (1969) para Variância do Coef. de Herdabilidade
baseada na correlação entre meios-irmaos paternos*/

Vh2SD=(16*VS)/((S+D+E)**2);

/*fórmula aproximada de OSBORNE & PATERSON (1952) para a Variância do Coef. de
Herdabilidade baseada na correlação entre meios-irmaos paternos*/

Vh2SOP=(16*((E+D)**2)*VS+(S**2)*(VE+VD+2*COVED+2*COVES)
-2*S*(E+D)*(COVES+COVDS))/((S+D+E)**4);

/*formula de FALCONER (1960) para a Variância do Coef. de Herdabilidade baseada
na correlação entre meios-irmãos paternos*/

Vh2SF=(32*h2S)/(I*J*K);

proc means maxdec=4 mean min max;
title 'Var. da Herd. Estimada por Diferentes Metodos para H2=1.0';
var h2S Vh2Sf Vh2SD Vh2SOP;
by caso;
output out=estat1 mean=média min=mínimo max=máximo;

```

(continua)

```
data estat2;  
  set junta;  
  keep caso h2S;  
  if h2S^=0 then h2S=1;else h2S=0;  
  
proc freq;  
  title 'Prob. de Obter Estimativas Negativas de Herdabilidade para H2=1.0';  
  tables h2S / nocum;  
  by caso;  
  
run;
```

Observação: Este programa foi rodado para cada herdabilidade esperada, devido à falta de espaço em disco.