

Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando¹

Heterogeneity of (co)variance for milk production among the base genetic groups of Girolando breed

Olivardo Facó², Raimundo Martins Filho⁶, Raimundo Nonato Braga Lôbo⁴, Sônia Maria Pinheiro de Oliveira⁵ e Gabrimar Araújo Martins⁶

Resumo – A partir de dados de genealogia e de produção de leite obtidos junto à Associação Brasileira de Criadores de Girolando foi investigada a presença da heterogeneidade de variâncias para produção de leite em vacas mestiças Holandês x Gir e suas conseqüências sobre a avaliação genética dos animais. Estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) sob modelo animal, utilizando modelo unicaráter e tricaráter, sendo neste último as produções de leite dos animais dos grupos genéticos 1/2, 5/8 e 3/4 consideradas como características diferentes. A estimativa de herdabilidade para produção de leite obtida pelo modelo unicaráter foi de 0,31, enquanto pelo modelo tricaráter estas estimativas foram de 0,19, 0,26 e 0,37 para as produções de leite nos grupos genéticos 1/2, 5/8 e 3/4, respectivamente. As classificações dos animais em função dos valores genéticos preditos foram diferentes quando foram utilizados os modelos uni ou tricaráter. Os resultados evidenciaram a existência de variâncias heterogêneas para a produção de leite entre os grupos genéticos formadores da Raça Girolando.

Termos para indexação: avaliação genética, correlação de Spearman, cruzamentos, herdabilidade, seleção

Abstract – From records of genealogy and lactation milk yield, supplied by Brazilian Association of Girolando Breeders, it was investigated the presence of heterogeneous variances for milk yield in Holstein x Gir crossbred cows and their consequences on animals genetic evaluation. Estimates of the components of (co)variance were obtained through the method of restricted maximum likelihood (REML) under animal model, using one-trait and three-trait models, being the last one the yields of milk from animals of the genetic groups 1/2, 5/8 and 3/4 considered as different traits. The heritability estimate for milk yield obtained by the one-trait model was 0.31, while the three-trait models were 0.19, 0.26 and 0.37 for the milk yields in the genetic groups 1/2, 5/8 and 3/4, respectively. The ranking of the animals in function of the predicted breeding values were different when it was used the one-trait or three-trait models. The results showed the existence of heterogeneous variances for the lactation milk yield among the base genetic groups of Girolando Breed.

Index terms: crossbreeding, genetic evaluations, heritability, selection, Spearman's correlations

¹ Recebido para publicação em 12/12/2006; aprovado em 12/05/2007

Parte da Tese de Doutorado do primeiro autor apresentada ao Dep. de Zootecnia, CCA/UFC, CE.

² Médico Veterinário, D. Sc., Pesquisador da Embrapa Caprinos, Estrada Sobral Groaíras, km 4, Caixa Postal 145, CEP: 62011-970 – Sobral, CE, faco@cnpc.embrapa.br

³ Médico Veterinário, D.Sc., Bolsista DCR-CNPq/FAPEPI/UFPI, rmartinsfilho@yahoo.com.br

⁴ Médico Veterinário, D.Sc., Pesquisador da Embrapa Caprinos, Bolsista CNPq, lobo@cnpc.embrapa.br

⁵ Eng. Agrônoma, D.Sc., Professora da Universidade Federal do Ceará, soniace@ufc.br

⁶ Eng. Agrônomo, D.Sc., Professor da Universidade Estadual Vale do Acaraú, gabrimarm@gmail.com

Introdução

A avaliação genética constitui-se em um procedimento essencial para obtenção de informações que orientem os produtores na identificação e no acasalamento dos animais de melhor mérito genético para a geração de progresso genético nos programas de seleção. As avaliações genéticas para as características sob seleção necessitam dos respectivos componentes de (co)variância, cujos valores determinam as estimativas de herdabilidade e das correlações genéticas entre as características, e a precisão das predições dos valores genéticos e do progresso genético esperado na população sob seleção (COSTA et al., 2004).

Os modelos BLUP multirraciais utilizados para a predição dos valores genéticos a partir de dados de animais mestiços, geralmente assumem homogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos (CREWS; FRANKE, 1998). No entanto, os processos de formação de populações sintéticas utilizam tanto a seleção quanto o cruzamento como ferramentas, sendo provável que as diferentes gerações caracterizadas pelos diversos grupos genéticos apresentem heterogeneidade de variância (OLIVEIRA et al., 2001).

Diversos autores (RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995; CREWS; FRANKE, 1998; OLIVEIRA et al., 2001; COSTA et al., 2004) têm relatado a existência de heterogeneidade de variância entre grupos genéticos.

Para Vinson (1987), a heterogeneidade de variâncias deve ser considerada no processo de avaliação genética. No mesmo sentido, Van Vleck e Cundiff (1994) alertaram que ignorar a potencial heterogeneidade de variâncias entre grupos genéticos pode reduzir a acurácia dos valores genéticos preditos. Nunez-Dominguez et al. (1995) e Crews e Franke (1998) encontraram alterações de posicionamento quando compararam classificações fornecidas por modelos que consideravam ou não a existência de variâncias heterogêneas. Logo, a utilização de modelos multicaráter poderia ser uma metodologia mais adequada para a avaliação genética de diferentes grupos genéticos.

Para Swan e Kinghorn (1992), a utilização de um modelo de avaliação genética que considere o valor de um animal em cada grupo genético como características diferentes em um modelo multicaráter, além de considerar a possível heterogeneidade de variância entre grupos genéticos, tem a vantagem de produzir uma série de provas, uma para cada grupo genético com o qual o indivíduo poderia ser acasalado, e baseado nestas, onde o valor genético de um indivíduo pode variar com o grupo genético

com o qual será acasalado, os acasalamentos mais favoráveis poderiam ser selecionados.

Neste estudo, o objetivo foi, a partir de dados de genealogia e de produção de leite obtidos junto à Associação Brasileira de Criadores de Girolando, investigar a presença da heterogeneidade de variâncias para a produção de leite em vacas mestiças Holandês x Gir e suas consequências sobre a avaliação genética dos animais.

Material e Métodos

Dados de genealogia e produção total de leite por lactação (PL) foram obtidos junto à Associação Brasileira dos Criadores de Girolando.

As análises descritivas dos dados foram realizadas por meio dos procedimentos estatísticos contidos no Statistical Analysis System - SAS (1999), verificando restrições, limitações e a consistência das informações.

Foram utilizados apenas os registros de vacas com informações sobre o grupo genético do pai e da mãe. Com esta restrição, o número de observações, que inicialmente era de 17.164, caiu para 7.059 registros.

Baseado nos resultados obtidos por Facó et al. (2005), em que a eliminação das lactações curtas não reduziu a variabilidade genética, foram excluídas as lactações com duração inferior a 120 dias, reduzindo o número de observações para 6.065.

Foram utilizadas nas análises apenas as lactações de vacas pertencentes aos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, num total de 4.979. As produções de leite das vacas desses grupos genéticos foram definidas como características diferentes, gerando assim as características PL12, PL58 e PL34, que corresponderam às produções de leite nos grupos genéticos 1/2, 5/8 e 3/4, respectivamente.

Por fim, foram eliminadas aquelas lactações provenientes de grupos contemporâneas com menos de três observações, restando para análise um total 3.614; 848; 1.311 e 1.455 registros de produção de leite por lactação (PL), produção de leite por lactação no grupo genético 1/2 (PL12), produção de leite por lactação no grupo genético 5/8 (PL58) e produção de leite por lactação no grupo genético 3/4 (PL34), respectivamente.

Na Tabela 1 é apresentada a distribuição de frequências para as observações de produção de leite, de acordo com os grupos genéticos das vacas e das mães das vacas.

Os componentes de variância para a característica PL foram estimados em análise unicaráter. Com o objetivo de identificar a existência ou não de variâncias heterogê-

Tabela 1 - Distribuição de frequências para as observações de produção de leite, de acordo com os grupos genéticos das vacas e das mães das vacas

Grupo Genético	Grupo Genético da Mãe	Frequência	Frequência Acumulada
1/2	Gir	696	696
1/2	Holandês	152	848
5/8	1/2	284	1132
5/8	1/4	756	1888
5/8	3/4	70	1958
5/8	5/8	201	2159
3/4	1/2	1199	3358
3/4	3/4	233	3591
3/4	5/8	23	3614

neas entre os três principais grupos genéticos formadores da Raça Girolando, os componentes de variância em cada um destes grupos foram estimados, utilizando-se como estratégia considerar como características diferentes as produções de leite dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4 via modelo animal tricaráter.

O modelo geral considerado nas análises unicaráter é dado a seguir:

$$Y_{ijkl} = m + GG_i + GGM_j + GC_k + b_1 iv + b_2 iv^2 + a_{ijkl} + c_{ijkl} + e_{ijkl}$$

Em que: Y_{ijkl} = observações referentes à produção de leite por lactação; m = constante associada a toda observação; GG_i = efeito do $i^{\text{ésimo}}$ grupo genético; GGM_j = efeito do $j^{\text{ésimo}}$ grupo genético da mãe; GC_k = efeito do $k^{\text{ésimo}}$ grupo de contemporâneas; iv = idade da vaca ao parto; b_1 e b_2 são coeficientes de regressão; a_{ijkl} = efeito aleatório associado aos efeitos genéticos aditivos; c_{ijkl} = efeito aleatório de ambiente permanente, incluindo os efeitos genéticos não aditivos não contemplados no modelo; e_{ijkl} = efeito residual aleatório.

Matricialmente, o modelo a ser utilizado na análise tricaráter pode ser representado da seguinte forma (Figura 1)

Em que: y_{12} , y_{58} e y_{34} são os vetores de observações referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente; X_{12} , X_{58} e X_{34} são as matrizes de incidência dos efeitos fixos referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente; b_{12} , b_{58} e b_{34} são os vetores dos efeitos fixos referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente; Z_{12} , Z_{58} e Z_{34} são as matrizes de incidência dos efeitos genéticos aditivos aleatórios referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente; a_{12} , a_{58} e a_{34} são os vetores dos efeitos genéticos aditivos referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente; W_{12} , W_{58} e W_{34} são as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios de ambiente permanente, incluindo os efeitos genéticos não aditivos não contabilizados pelo modelo referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente; p_{12} , p_{58} e p_{34} são os vetores dos efeitos aleatório de ambiente permanente, incluindo os efeitos genéticos não aditivos não contabilizados pelo modelo, referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente; e_{12} , e_{58} e e_{34} são os vetores dos erros aleatórios referentes aos animais dos grupos genéticos 1/2; 5/8 e 3/4, respectivamente.

No modelo tricaráter foram considerados os mesmos efeitos contidos no modelo unicaráter, exceto o efeito de grupo genético. Já nas análises unicaráter, as matrizes não foram diferenciadas para os diversos grupos genéticos.

Para estimação dos componentes de (co)variância utilizou-se o sistema computacional Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood (MTDFREML), desenvolvido por Boldman et al. (1995). As covariâncias de ambiente permanente e residuais entre os grupos genéticos foram consideradas nulas, seguindo recomendação de Boldman et al. (1995).

Foi aplicado o teste de razão de verossimilhança (MOOD et al., 1974), nos modelos unicaráter e tricaráter, para identificar o modelo mais apropriado, sendo a diferença obtida entre os logaritmos dos valores da função de verossimilhança ($-2 \log L$), à convergência, dos modelos com maior e menor número de parâmetros estimados, tes-

Figura 1 – Matriz do modelo utilizado na análise tricaráter

$$\begin{bmatrix} y_{12} \\ y_{58} \\ y_{34} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_{12} & 0 & 0 \\ 0 & X_{58} & 0 \\ 0 & 0 & X_{34} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_{12} \\ \beta_{58} \\ \beta_{34} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{12} & 0 \\ 0 & Z_{58} \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_{12} \\ a_{58} \\ a_{34} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_{12} & 0 & 0 \\ 0 & W_{58} & 0 \\ 0 & 0 & W_{34} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_{12} \\ p_{58} \\ p_{34} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_{12} \\ e_{58} \\ e_{34} \end{bmatrix}$$

tada contra os valores obtidos na distribuição qui-quadrado com $P < 0,05$ e graus de liberdade dados pela diferença do número de parâmetros estimados pelos modelos em questão. Os valores de $-2 \log L$ foram obtidos dos resultados do programa MTDFRUN, parte do sistema MTDFREML.

Os animais foram classificados de acordo com os valores genéticos, obtidos através da metodologia “Best Linear Unbiased Prediction” (BLUP), proposta por Henderson (1975), utilizando-se os modelos unicaráter e tricaráter. Sobre estas classificações, foi aplicado o teste de correlação de Spearman, conforme Sampaio (2002), para verificar se houve alteração dos postos entre as classificações fornecidas pelos modelos unicaráter e tricaráter.

Resultados e Discussão

As estatísticas descritivas para as características estudadas são apresentadas na Tabela 2. Pode-se perceber que a média aritmética da produção de leite por lactação foi inferior nos animais do grupo genético 5/8 do que nos demais grupos, enquanto a variabilidade foi maior no grupo 3/4.

O modelo tricaráter apresentou menor valor de $-2 \log L$, tendo o teste de razão de verossimilhança evidenciado seu melhor ajuste em relação ao modelo unicaráter.

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas dos componentes de variância obtidos pela aplicação dos modelos uni e tricaráter. Embora as estimativas de variâncias residuais para as PL12, PL58 e PL34 tenham se apresentado com valores próximos àqueles obtidos no modelo unicaráter, as variâncias genética aditiva e de ambiente permanente apresentaram-se bastante heterogêneas.

A variância genética aditiva estimada pelo modelo tricaráter para as PL12 e PL58 representaram apenas 60 e 65% daquela estimada pelo uso do modelo unicaráter. Já a variância genética aditiva para a PL34 representou 141%. Quadro semelhante foi verificado quanto às estimativas de variância de ambiente permanente, em que as variâncias para as PL12, PL58 e PL34 representaram 174, 51 e 128% daquela estimada pelo uso do modelo unicaráter.

Estes resultados, somados ao melhor ajuste do modelo tricaráter, demonstrado pelo teste de razão de verossimilhança, indicam a existência de heterogeneidade de variância entre os grupos genéticos formadores da Raça Girolando. Tal heterogeneidade refletiu-se nas estimativas dos parâmetros genéticos, onde foi verificado que o grupo genético 3/4 apresentou maiores herdabilidade e repetibilidade. O grupo genético 1/2, embora tenha tido a menor estimativa de herdabilidade, apresentou repetibilidade próxima àquela verificada para o grupo 3/4

Tabela 2 - Número de observações, médias, desvios padrão para as características produção de leite por lactação geral (PL) e produção de leite por lactação nos grupos genéticos 1/2 (PL12), 5/8 (PL58) e 3/4 (PL34)

Característica	Número de Observações	Média	Desvio Padrão	Coefficiente de Variação
PL	3.614	3.833,78	1.760,73	45,93%
PL12	848	4.029,06	1.691,84	41,99%
PL58	1.311	3.513,33	1.579,86	44,97%
PL34	1.455	4.008,70	1.908,38	47,61%

Tabela 3 - Estimativas de componentes de variância (kg^2), herdabilidade e repetibilidade para produção de leite por lactação em animais mestiços Holandês x Gir, obtidas nas análises unicaráter e tricaráter

Estimativas	Unicaráter		Tricaráter	
	PL	PL12	PL58	PL34
Variância genética aditiva	635.192	382.094	411.865	895.598
Variância de Ambiente permanente	403.800	701.662	203.855	518.404
Variância residual	1.006.291	975.881	949.936	1.031.461
Herdabilidade	0,31	0,19	0,26	0,37
Repetibilidade	0,51	0,53	0,39	0,58

devido à grande expressão do componente de ambiente permanente, certamente em função dos desvios da aditividade (heterose), característicos de animais F_1 . Os animais do grupo 5/8 apresentaram herdabilidade intermediária aos demais grupos, no entanto, a mais baixa repetibilidade, como consequência da baixa variância de ambiente permanente.

As correlações genéticas entre as produções de leite por lactação dos três grupos genéticos foram iguais a unidade. Conseqüentemente, as correlações de Spearman entre os valores genéticos dos animais para as PL12, PL58 e PL34 também foram iguais um. Boldman et al. (1995) verificaram que, para duas características que nunca se expressam em um mesmo indivíduo e em pequenos conjun-

Tabela 4 - Valores da correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos pela utilização dos modelos uni e tricaráter e respectivos graus de liberdade (G1), de acordo com o grupo de animais selecionados

Grupos	Valor da Correlação	G1
Geral	0,965 ***	5.527
Touros	0,964 ***	469
Vacas	0,965 ***	5.057
50% superiores	0,916 ***	2.763
25% superiores	0,884 ***	1.381
10% superiores	0,863 ***	551
1% superiores	0,638 ***	54
10 Melhores touros	0,660 *	9

***P<0,0001; *P<0,05

tos de dados, é comum que seja observado uma tendência de que as estimativas de correlação genética entre estas características convirjam para um ou menos um.

As correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela utilização dos modelos uni e tricaráter estão apresentadas na Tabela 4. As correlações foram todas significativamente diferentes de zero (P<0,05), sendo próximas à unidade quando foram considerados todos os valores genéticos preditos (geral) e quando estes foram separados por sexo (touros e vacas).

Verificou-se uma tendência de redução dos valores das correlações à medida que a pressão de seleção foi elevada. Segundo Crews e Franke (1998), correlações de ordem menores do que 0,90 podem resultar em alterações nas classificações dos animais quando se considera ou não a heterogeneidade de variâncias entre grupos genéticos.

Rodriguez-Almeida et al. (1995) verificaram que a pressuposição de variâncias homogêneas, quando da avaliação genética de animais de diferentes grupos genéticos, não é correta. Analisando detalhadamente as classificações dos dez melhores touros para produção de leite (Tabela 5), segundo os modelos uni e tricaráter, verificou-se que, embora quase todos os touros presentes entre os dez melhores pelo modelo unicaráter estivessem entre os dez melhores pelo modelo tricaráter, o ordenamento dos mesmos foi alterado.

Seis touros perderam posições enquanto os outros três ganharam. Um touro subiu cinco postos, um perdeu quatro postos e outro subiu três postos. Cinco touros perderam uma posição e outro ganhou uma posição. Em suma, a utilização do modelo tricaráter não teve

Tabela 5 - Predições dos valores genéticos para as características produção de leite por lactação geral (PL) e produção de leite por lactação nos grupos genéticos 1/2 (PL12), 5/8 (PL58) e 3/4 (PL34) e classificação dos dez melhores touros, considerando os modelos uni ou tricaráter

Touro	Valores Genéticos Preditos				Classificação	
	PL	PL12	PL58	PL34	Unicaráter	Tricaráter
96	1369,22	1247,11	1295,00	1909,58	2	1
729	1279,48	935,24	970,99	1431,89	3	2
754	1105,02	849,49	881,98	1300,63	4	3
610	1371,76	843,92	876,03	1291,94	1	4
65	903,72	762,74	792,00	1167,89	9	5
753	971,93	759,16	788,26	1162,38	7	6
354	1059,69	752,51	781,30	1152,15	6	7
523	920,91	709,85	736,99	1086,82	8	8
47	746,05	635,45	659,80	972,95	10	9
761	1066,84	632,50	656,73	968,43	5	10

grande impacto sobre a seleção dos dez melhores touros, mas na classificação dos mesmos, o que pode ser importante no caso da identificação de potenciais tourinhos jovens para teste de progênie.

Conclusões

1. O modelo tricaráter, que considera as variâncias heterogêneas, foi o mais adequado para a estimação de componentes de variância para a produção de leite em animais dos grupos genéticos formadores da Raça Girolando.
2. O ajuste para a heterogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos pode levar a uma classificação mais correta dos animais de elite, garantindo maior progresso genético.

Agradecimentos

À Associação Brasileira dos Criadores de Girolando que cedeu atenciosamente os dados, motivo deste estudo e esteve sempre disponível para eventuais esclarecimentos.

Referências Bibliográficas

- BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D. et al. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variance and covariance**. Lincoln: Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- COSTA, C. N.; MARTINEZ, M. L.; VERNEQUE, R. S. et al. Heterogeneidade de (co)variância para as produções de leite e de gordura entre vacas puras e mestiças da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 3, p. 555-563, 2004.
- CREWS, 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.
- FACÓ, O.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R. N. B. et al. Efeito da eliminação das lactações curtas e do ajuste da produção de leite pela duração da lactação sobre a comparação do desempenho produtivo de vacas mestiças Holandês x Gir. In: FACÓ, O. **Estudo Genético-Quantitativo com os Grupos Genéticos Formadores da Raça Girolando**. Fortaleza: Universidade Federal do Ceará, 2005. p. 24-35.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.
- MOOD, A.M.; GRAYBILL, F.A.; BOES, D.C. Tests of hypotheses. In: MOOD, A.M., GRAYBILL, F.A., BOES, D.C (Ed.). **Introduction to the theory of statistics**. Tokio: McGraw-Hill, 1974. p.401-470.
- NUNEZ-DOMINGUEZ, R.; VAN VLECK, L. D.; CUNDIFF, L. V. Prediction of genetic values of sires for growth traits of crossbred cattle using a multivariate animal model with heterogeneous variances. **Journal of Animal Science**, v. 73, n. 10, p. 2940-2950, 1995.
- OLIVEIRA C. A. L.; MARTINS, E. N.; FREITAS, A. R. et al. Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 4, p. 1212-1219, 2001.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA F. A.; VAN VLECK, L. D.; CUNDIFF, L. V. et al. Heterogeneity of variance by sire breed, sex, and dam breed in 200 and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. **Journal of Animal Science**, v. 73, n. 9, p. 2579-2588, 1995.
- SAMPAIO, I. B. M. **Estatística aplicada à experimentação animal**. 2. ed. Belo Horizonte: Fundação de Estudo e Pesquisa em Medicina Veterinária e Zootecnia, 2002. 265 p.
- SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc, Version 8**. Cary: 1999.
- SWAN, A. A.; KINGHORN, B. P. Symposium: dairy crossbreeding: Evaluation and exploitation of crossbreeding in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 75, p. 624-639, 1992.
- VAN VLECK, L. D.; CUNDIFF, L. V. Prediction error variances for interbreed genetic evaluations. **Journal of Animal Science**, v. 72, n. 8, p. 1971-1977, 1994.
- 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.