

ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE ESCORES VISUAIS E CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO MODELOS BAYESIANOS LINEAR-LIMIAR

CARINA UBIRAJARA FARIA,¹ CLÁUDIO ULHÔA MAGNABOSCO,² LÚCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE,³ ARCADIO DE LOS REYES,⁴ LUIZ ANTÔNIO FRAMARTINO BEZERRA⁵ E RAYSILDO BARBOSA LÔBO^{5,6}

1. Professora adjunta da Universidade Federal de Goiás, Campus de Jataí

2. Pesquisador da Embrapa Cerrados

3. Professora adjunta da FCAV/UNESP/Jaboticabal

4. Professor associado da Universidade Federal de Goiás, Campus Samambaia

5. Professor da FMRP/USP

6. Presidente da ANCP

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estudar as inter-relações genéticas dos escores visuais com as características de crescimento, por meio da estatística bayesiana, utilizando análises bicaracterísticas sob modelo animal linear-limiar, na obtenção de parâmetros genéticos. Estudaram-se as características categóricas morfológicas de musculabilidade, estrutura física, conformação e sacro, aos 8, 15 e 22 meses de idade, em animais da raça Nelore, e também vacas adultas; e as características contínuas de crescimento, pesos aos 210, 365 e 450 dias de idade, além do peso adulto da vaca. Foram obtidas estimativas de correlações genéticas

positivas de alta magnitude entre os escores visuais de musculabilidade, estrutura física e conformação com as características de crescimento, indicando que a seleção de uma trará progresso genético à outra. Os resultados obtidos neste estudo também indicaram que a estrutura física e a conformação são determinadas, em grande parte, pelos mesmos conjuntos de genes que o peso. Da mesma forma, as características de escores visuais avaliadas em vacas adultas apresentaram altas correlações genéticas com o peso adulto da vaca. Para o sacro, as estimativas de correlações genéticas foram de baixa magnitude e negativas.

PALAVRAS-CHAVE: Amostrador de gibbs, características morfológicas, pesos, zebu.

ABSTRACT

GENETIC CORRELATION ESTIMATES BETWEEN VISUAL SCORES AND GROWTH TRAITS IN NELORE CATTLE USING LINEAR-THRESHOLD BAYESIAN MODELS

The objective of this paper was to study the genetic correlations of the visual scores traits with the growth continuous traits, by applying bayesian statistic methodology, using two-trait analyses under linear-threshold animal models. The morphological categorical traits of musculature, physical structure, conformation and sacrum were studied in animals of the Nelore breed at the age of 8, 15 and 22 months, and also in adult cows; and the growth continuous

traits, weights at the age of 210, 365 and 450 days old, as well as the adult weight of the cow. Estimates of genetic correlations between these visual scores (musculature, physical structure and conformation) with the growth traits were favorably positive, indicating that the selection of one of them will bring genetic progress to another. The results achieved in this study also indicated that the physical structure and the conformation are determined, to a large

extent, by the same sets of genes as the weight. In the same way, the evaluated visual scores in adult cows presented high genetic correlations with the adult weight of the cow. As

concerning the sacrum, the estimates of genetic correlations were low and negative.

KEY WORDS: Gibbs sampler, morphological traits, weights, zebu cattle.

INTRODUÇÃO

Avaliações visuais com o emprego de escores para características morfológicas em bovinos de corte têm sido utilizadas com o objetivo principal de identificar indivíduos que apresentem boas características funcionais, raciais e de carcaça. Em exposições de bovinos de corte, a avaliação morfológica exerce uma grande influência na utilização e comercialização de reprodutores e sêmen. Porém, deve-se estudar a necessidade de utilizar o sistema de avaliação visual também em programas de melhoramento genético, incorporando características morfológicas como critérios de seleção, com o intuito de promover progresso genético em rebanhos de bovinos de corte.

No Brasil, alguns programas de melhoramento têm realizado seleção por vários anos, quase que exclusivamente para peso, valorizando animais com alto peso adulto (JORGE JÚNIOR et al., 2001). No entanto, a seleção exclusiva por peso, ao longo do tempo, pode estar aumentando o peso à idade adulta (MERCADANTE et al., 2004). Conseqüentemente, tem-se favorecido a produção de animais grandes e tardios, o que não é economicamente viável, principalmente em sistemas de produção a pasto. Conhecer as correlações genéticas entre as características morfológicas avaliadas por escores visuais e as características de crescimento é um aspecto crucial para se definir novos critérios de seleção, uma vez que as demandas do mercado têm mostrado a necessidade de mudanças nos critérios de seleção já adotados.

Buscando elucidar as relações entre características ponderais e morfológicas, LIMA et al. (1989) e RAZOOK et al. (1990) desenvolveram trabalhos de avaliação visual, e encontraram estimativas de correlações genéticas favoráveis entre medidas corporais e desempenho. Segun-

do MAY et al. (1992), escores de musculatura e gordura de acabamento são os melhores indicadores de qualidade tanto do animal vivo quanto da carcaça produzida. KOURY FILHO (2005), em trabalho realizado com bovinos da raça Nelore, concluiu que as correlações genéticas positivas entre as características avaliadas por escores e as de desempenho ponderal indicam que a seleção para conformação, precocidade e musculossidade promovem também aumento nos pesos à desmama e ao sobreano, facilitando a adoção de novos índices de seleção. O uso de índices de seleção foi ressaltado por KOCH et al. (1995), que encontraram maior resposta genética à seleção quando o critério de seleção foi baseado em um índice composto por 50% de peso final e 50% de escore para musculossidade, em comparação com a seleção direta somente para o peso final de bovinos da raça Angus.

Para as análises genéticas de características categóricas, muitos estudos têm mostrado que o uso dos modelos lineares pode ser impróprio (GIANOLA, 1982; LUO et al., 2001), sendo recomendada a aplicação dos modelos de limiar. Dessa forma, GIANOLA & FOULLEY (1983), HARVILLE & MEE (1984) e GILMOUR et al. (1985) aplicaram os modelos de limiar na avaliação genética de dados categóricos. Posteriormente, JANSS & FOULLEY (1993) e VAN TASSEL et al. (1998) tornaram possíveis as análises multivariadas relacionando dados contínuos (modelo linear) e dados categóricos (modelo de limiar).

As metodologias empregadas assumindo modelo linear ignoram a natureza discreta dos dados categóricos, e a análise procede como se os dados fossem de caráter contínuo. Já no modelo de limiar, assume-se, como distribuição normal, a variável não-observável, que é subjacente para a variável discreta, sendo que a conexão da variável discreta com a escala subjacente contínua

é conseguida por um conjunto de limiares fixos. Desse modo, a variável subjacente é descrita pelo modelo linear, mas a relação da subjacente com a escala observada é não-linear, caracterizando o modelo de limiar.

Segundo VAN TASSEL et al. (1998), a aplicação de modelos bayesianos de limiar para características categóricas poderá promover ganhos genéticos, por causa de uma melhor identificação de animais com valores genéticos superiores pela obtenção de herdabilidades mais altas pela escala subjacente. Dessa maneira, o uso de modelos de limiar pode proporcionar melhores estimativas, uma vez que estes relacionam a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua (SILVA et al., 2005).

O objetivo deste trabalho foi estudar as inter-relações genéticas das características morfológicas de musculabilidade, estrutura física, conformação e sacro, com as de crescimento, por meio da estatística bayesiana, utilizando análises bicaracterísticas sob modelo animal linear-limiar na obtenção das correlações genéticas.

MATERIAL E MÉTODOS

As informações de escores visuais analisadas no presente estudo foram obtidas nos anos de 2000 a 2005, em bovinos da raça Nelore provenientes de treze fazendas participantes do PMGRN – Nelore Brasil, da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) localizadas nos estados de Goiás, Mato Grosso, Paraná e no Distrito Federal. Estudaram-se características categóricas morfológicas, avaliadas aos 8, 15 e 22 meses de idade em animais da raça Nelore, e também em vacas adultas, para musculabilidade (M_8 , M_{15} , M_{22} e M_{VA}), estrutura física (E_8 , E_{15} , E_{22} e E_{VA}), conformação (C_8 , C_{15} , C_{22} e C_{VA}) e sacro (SAC_8 , SAC_{15} , SAC_{22} e SAC_{VA}); e as características contínuas de crescimento, pesos aos 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade, além do peso adulto da vaca (PAV). As informações de todas as características de crescimento também foram fornecidas pelo PMGRN – Nelore Brasil.

Os animais foram avaliados visualmente pelo método denominado MERCOS, adaptado por LÔBO (1996), em que: (i) para a musculabilidade (M) avalia-se a distribuição muscular no corpo do animal, bem como o seu desenvolvimento, volume e comprimento dos músculos; (ii) na estrutura física (E) avalia-se a sustentação do animal, ou seja, cascos quanto à sua integridade e tamanho, ligamentos ou articulações quanto à firmeza e a largura dos ossos; (iii) para a conformação (C) avalia-se o esqueleto do animal, comprimento do corpo, amplitude torácica, arqueamento e comprimento das costelas, largura de garupa e comprimento, relação tamanho dos membros e comprimento das costelas, sendo que as linhas dorsal e ventral devem ser paralelas ou abrir levemente no sentido da garupa. De acordo com LÔBO (1996), para cada variável morfológica, os animais avaliados podem obter escores de um a cinco pontos, sendo que a maior pontuação representa o grau mais favorável. Um animal que, comparado ao seu grupo de contemporâneos, for considerado intermediário (três pontos) para determinada característica representa a referência para a classificação dos demais em abaixo (um ou dois pontos) ou acima da média (quatro ou cinco pontos).

Para atribuir escores para sacro (SAC) avaliou-se o comprimento, por meio da distância entre os ossos íleo e ísquio, a largura, considerando a distância entre os íleos e entre os ísquios, e a inclinação do osso sacro. Como SAC é uma característica binária ou dicotômica, foram utilizados apenas dois escores. Assumiu-se valor um para animais com osso sacro indesejável e valor dois para osso sacro desejável.

Na aplicação do método de avaliação visual, os animais foram analisados individualmente pelo mesmo avaliador, para cada lote de manejo, o que caracterizou animais de mesmo sexo e nascidos na mesma época, e que receberam as mesmas condições de tratamento alimentar e sanitário. Observou-se todo o lote de manejo, buscando visualizar o perfil médio para cada característica morfológica avaliada. Dessa forma, a avaliação visual foi comparativa e a pontuação dada para cada indivíduo relativa aos demais.

Na avaliação de vacas adultas, os escores atribuídos para todas as características morfológicas foram relativos a um biótipo de referência da raça, não sendo utilizado o mesmo critério comparativo dentro de lote de manejo, aplicado em animais com idades mais jovens. Na Tabela 1 é apresentada a distribuição dos escores em porcentagem para cada característica morfológica.

TABELA 1. Distribuição (%) por escores para as características musculosidade (M), estrutura física (E), conformação (C) e sacro (SAC) avaliadas aos 8, 15, 22 meses de idade e em vacas adultas da raça Nelore.

Características	Escore				
	Um	Dois ^a	Três	Quatro	Cinco ^b
M ₈	5,5	28,8	50,4	14,3	1,0
E ₈	3,4	24,5	45,8	24,9	1,4
C ₈	5,5	35,1	45,5	13,6	0,3
SAC ₈	74,4	25,6			
M ₁₅	1,3	22,7	47,8	23,2	5,0
E ₁₅	0,5	12,0	50,1	32,8	4,6
C ₁₅	1,7	21,0	44,7	26,3	6,3
SAC ₁₅	51,3	48,7			
M ₂₂	0,6	12,4	43,2	33,4	10,4
E ₂₂	0,4	6,5	37,6	44,0	11,5
C ₂₂	0,4	11,3	39,0	35,8	13,5
SAC ₂₂	39,6	60,4			
M _{VA}	0,2	9,9	58,5	28,6	2,7
E _{VA}	0,1	6,5	48,1	38,6	6,7
C _{VA}	0,1	11,2	51,6	33,8	3,3
SAC _{VA}	49,2	50,8			

^aEscore ideal para sacro; ^bEscore ideal para musculosidade, estrutura física e conformação.

A estruturação dos arquivos de dados foi realizada com a utilização do programa Statistical Analysis System (SAS, 2004). Para a consistência dos dados, o intervalo de idade dos animais jovens seguiram uma variação de 150 a 330 dias em relação aos 240 dias (8 meses de idade), 360 a 540 dias em relação aos 450 dias (15 meses de idade) e 570 a 750 dias em relação aos 660 dias

(22 meses de idade), considerando um período de 90 dias para menos e para mais em cada classe de idade pré-definida. Para as vacas adultas, a variação da idade foi de 4 a 12 anos, conforme critério adotado pelo PMGRN – Nelore Brasil para o peso adulto da vaca (LÔBO et al., 2006). Eliminaram-se os animais com medidas repetidas dentro de cada classe de idade ou que apresentaram idades à coleta diferentes do pré-estabelecido. Em vacas adultas, consideraram-se os escores da primeira avaliação visual. Para a verificação dos efeitos de ambiente que influenciam as características morfológicas foram utilizados os procedimentos GLM e REG do *software* SAS (SAS, 2004).

A definição dos grupos de contemporâneos para as características categóricas morfológicas foi dada por: i) fazenda, ano e estação de nascimento, regime alimentar e lote de manejo aos 210 dias para os animais de 8 meses de idade; ii) fazenda, ano e estação de nascimento, lote de coleta para animais de 15 e 22 meses de idade; iii) fazenda, ano e estação de nascimento para vacas adultas. Já para as características contínuas de crescimento, os grupos contemporâneos contemplaram: (i) fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo aos 210 dias para P210; (ii) fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo aos 210 e 365 dias para P365; (iii) fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo aos 210, 365 e 450 dias para P450; (iv) fazenda, ano e estação de nascimento, ano e época da pesagem para PAV. O efeito de estação de nascimento foi dividido em quatro classes: animais nascidos nos meses de janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro. Para a época da pesagem, dividiu-se o efeito em dois níveis: pesagens realizadas nos meses de maio a outubro e novembro a abril.

Eliminaram-se os grupos contemporâneos que continham menos de quatro animais para todas as características avaliadas. Para as características contínuas, além dessa restrição, foram retirados os animais com medidas de 3,5 desvios-padrão acima ou abaixo da média do seu grupo de contemporâneos. O resumo dos arquivos de dados categóricos é apresentado na Tabela 2. Pode ser observado que há um maior número de dados para

animais com idades mais avançadas; no entanto, isso se justifica pelo fato de que as amostras de animais avaliados visualmente por escores foram diferentes para cada faixa etária.

TABELA 2. Descrição dos arquivos de dados analisados para as características musculosidade (M), estrutura física (E), conformação (C) e sacro (SAC) de bovinos da raça Nelore, para diferentes idades.

Escores visuais	Número			
	Animais	Touros	Vacas	GC
8 meses de idade				
MEC	1.041	108	952	30
SAC	909	102	839	26
15 meses de idade				
MEC	1.894	216	1.749	75
SAC	1.666	191	1.566	67
22 meses de idade				
MEC	3.864	301	3.093	118
SAC	3.434	261	2.776	102
Vacas adultas				
MEC	3.156	332	2.689	131
SAC	2.697	277	2.291	91

GC: Grupo contemporâneo.

Para as características contínuas P210, P365 e P450, não se incluiu o efeito genético aditivo

materno, em virtude da dificuldade de se estimar todas as variâncias e covariâncias genéticas sob o modelo linear-limiar. No entanto, modelos que não consideram os efeitos maternos podem levar às estimativas mais altas da variância genética aditiva direta e, conseqüentemente, estimativas mais altas da herdabilidade (MEYER, 1992). Buscando evitar uma possível superestimação da variância genética aditiva direta por causa da não-inclusão do efeito genético aditivo materno, foi considerado no modelo o efeito não correlacionado de ambiente permanente materno (ROBINSON, 1996). No arquivo de dados, menos de 20% das mães possuíam somente um filho, o que permitiu a inclusão desse efeito no modelo, para as características P210, P365 e P450. A estatística descritiva dos dados contínuos é apresentada na Tabela 3.

É importante ressaltar que 77%, 50% e 24% dos animais avaliados visualmente aos 8 meses de idade também possuíam informações para o P210, P365 e P450, respectivamente. Já para os animais avaliados aos 15 meses de idade e com dados para P210, P365 e P450, a porcentagem foi de 77%, 54% e 37%, respectivamente. Aos 22 meses de idade, 69%, 45% e 35% dos animais apresentaram informações para os escores visuais e P210, P365 e P450, respectivamente. Em relação às vacas adultas, 38% possuíam informações tanto para as características morfológicas como para o PAV.

TABELA 3. Estatística descritiva dos dados analisados para as características contínuas (em kg) peso aos 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) dias de idade e peso adulto da vaca (PAV) de bovinos da raça Nelore.

Variável	Número				Média	DP	CV (%)
	Animais	Touros	Vacas	GC			
P210	19.093	571	9.919	1.082	168,00	27,08	16,12
P365	11.658	511	7.010	842	217,21	38,07	17,53
P450	8.645	481	5.729	681	250,32	42,50	16,98
PAV	2.239	296	1.907	202	444,27	60,86	13,70

GC: Grupo contemporâneo; DP: desvio-padrão; CV: coeficiente de variação.

Análises unicaracterísticas foram realizadas com o intuito de obter os valores iniciais dos componentes de variâncias de todas as características estudadas, empregando-se a metodologia REML (Restricted Maximum Likelihood) descrita por PATTERSON & THOMPSON (1971) sob modelo animal linear, por meio do aplicativo MTDFREML (Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood) desenvolvido por BOLDMAN et al. (1995). No entanto, os parâmetros genéticos das características categóricas morfológicas e características contínuas de crescimento foram estimados mediante análises bicaracterísticas sob modelo animal linear-limiar utilizando a estatística bayesiana por meio do aplicativo MTGSAM Threshold (Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models) desenvolvido por VAN TASSEL et al. (1998).

Para as características morfológicas avaliadas aos 8 e 15 meses de idade, consideraram-se o sexo e a classe de idade da vaca ao parto (seis classes) como efeitos fixos, os grupos de contemporâneos como efeitos aleatórios e a idade na data da coleta como covariável (efeito linear). No entanto, para sacro (SAC) aos 15 meses de idade e as características morfológicas avaliadas aos 22 meses de idade, não foi incluído o efeito fixo de classe de idade da vaca ao parto. Já para as análises das características morfológicas de vacas adultas consideraram-se o ano (seis classes) e estação na data da coleta (duas classes) como efeitos fixos e o grupo de contemporâneos como efeito aleatório, além da idade do animal como covariável de efeitos linear e quadrático. Para as características de peso aos 210, 365 e 450 dias de idade, incluíram-se os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e classe de idade da vaca ao parto, e para o peso adulto da vaca, incluíram-se a idade da vaca no momento da pesagem como covariável (linear e quadrático) e o grupo de contemporâneos como efeito fixo. O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e,$$

em que y é o vetor das observações (características contínuas e categóricas), β é o vetor dos

efeitos fixos (sexo, classe de idade da vaca ao parto ou ano e época da coleta para características morfológicas; e grupo de contemporâneos e classe de idade da vaca ao parto para P210, P365 e P450 ou somente grupo de contemporâneos para PAV), α é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos direto de cada animal, m é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos materno (somente para as características morfológicas avaliadas aos 8 meses de idade), c é o vetor de efeitos aleatórios não-correlacionados (efeito de grupos contemporâneos para as características morfológicas ou efeito de ambiente permanente materno para P210, P365 e P450), e o vetor de efeitos aleatórios residuais, e X , Z_1 , Z_2 e Z_3 são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genéticos aditivos direto, maternal e não-correlacionados, respectivamente. O arquivo de genealogia incluiu 52.361 animais da raça Nelore.

Os modelos de limiar geralmente apresentam problemas na estimação de componentes de variância e predição dos valores genéticos quando se tem um grande número de níveis de efeitos fixos (MORENO et al., 1997; VARONA et al., 1999; LUO et al., 2002). No entanto, esses problemas podem ser minimizados quando se consideram os efeitos de rebanho-ano-estação como aleatórios (SCHAEFFER et al., 2001). Porém, para que a convergência seja atingida, também é necessário que haja um maior número de dados dentro de cada nível de efeito fixo (VARONA et al., 1999). Dessa maneira, os efeitos de grupos de contemporâneos foram assumidos como aleatórios, e o sexo, classe de idade da vaca ao parto ou ano e estação de coleta como efeitos fixos para as análises genéticas de características categóricas.

No modelo de limiar assume-se que a escala subjacente apresenta distribuição normal contínua sendo representada como:

$$U | \mathbf{q} \sim N(W\mathbf{q}, I_s \sigma_e^2),$$

em que U é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta' = (\beta', a', m', c')$ é o vetor dos parâmetros de locação de ordem s com β (definido sob o ponto de vista frequentista, como efeitos fixos) e ordem s com

a , m e c (como efeitos aleatórios genético aditivo direto, maternal e de grupo de contemporâneos); W é a matriz de incidência conhecida de ordem r por s ; I é a matriz de identidade de ordem r por r ; e σ_e^2 é a variância residual. Dado que a variável na distribuição subjacente não é observável, a parametrização $\sigma_e^2 = 1$ é, geralmente, adotada no sentido de se obter identifiabilidade na função de verossimilhança (GIANOLA & SORENSSEN, 2002). Tal pressuposição é padrão em análises de dados categóricos.

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não-observáveis, em escala subjacente, sendo fixados valores iniciais de limiares, em que $t_1 < t_2 \dots < t_{j-1}$, com $t_0 = \infty$ e $t_j = \infty$, sendo j o número de categorias. A probabilidade condicional que y_i caia na categoria j ($j = 1, 2, 3, 4, 5$), dado os vetores β , a , e t ($t = t_{min}, t_1, \dots, t_{j-1}, t_{max}$), é apresentada como:

$$\begin{aligned} Pr(y_i = j | \mathbf{b}, a, t) &= Pr(t_{j-1} < U_i < t_j | \mathbf{b}, a, t) \\ &= F(t_j - X_i' \mathbf{b} - z_i' a) - F(t_{j-1} - x_i' \mathbf{b} - z_i' a) = p(y_i | \mathbf{b}, a, t) \end{aligned}$$

Os dados observáveis são dependentes da variável subjacente, que é limitada entre dois limiares não-observáveis (GIANOLA & FOULLEY, 1983). Assim, as categorias ou escores de y_i (características morfológicas) para cada animal i são definidos por U_i , na escala subjacente:

$$y_i = \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \leq t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \leq t_2 \\ 3 & t_2 < U_i \leq t_3 \\ 4 & t_3 < U_i \leq t_4 \\ 5 & t_4 < U_i \leq t_5 \quad i = 1, K, n \end{cases}$$

em que n é o número de observações. Após as especificações dos limiares t_0 a t_5 , é necessário que um dos limiares (de t_1 a t_4) seja ajustado a uma constante arbitrária. Neste estudo, assumiu-se $t_1 = 0$, tal que o vetor de limiares estimáveis foi definido como:

$$t = \begin{bmatrix} t_2 \\ t_3 \\ t_4 \end{bmatrix}$$

Para as análises bicaracterísticas envolvendo categóricas e contínuas, de acordo com o enfoque bayesiano, admitiu-se que as distribuições iniciais dos efeitos aleatórios genéticos, não-correlacionados e residuais, seguem distribuição normal multivariada conforme representado a seguir:

$$p \left(\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ m_1 \end{bmatrix} | G \right) \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, G = G_0 \otimes A \right)$$

$$p \left(\begin{matrix} c_1 \\ c_2 \end{matrix} | C \right) \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, C = C_0 \otimes I \right),$$

$$p \left(\begin{matrix} e_1 \\ e_2 \end{matrix} | R \right) \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, R = R_0 \otimes I \right)$$

sendo que G_0 é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas, C_0 é a matriz das variâncias de efeito de ambiente permanente materno (P210, P365 e P450) e de grupo de contemporâneos (características morfológicas), R_0 é a matriz de variâncias residuais, \otimes é o operador do produto direto, A é a matriz de parentesco e I é a matriz identidade. Os vetores a_1 representa o efeito aleatório genético aditivo direto para a característica 1, a_2 o efeito aleatório genético aditivo direto para a característica 2, m_1 o efeito aleatório genético aditivo materno para a característica 1, c_1 é o efeito aleatório não-correlacionado de ambiente permanente materno para a característica 1, c_2 é o efeito aleatório não-correlacionado de grupo de contemporâneos para a característica 2, e_1 e e_2 são os efeitos aleatórios residuais para as características 1 e 2, respectivamente.

Assumiram-se distribuições iniciais das (co)variâncias como uma Wishart Invertida para os efeitos aleatórios genéticos, não-correlacionados e residuais das características estudadas, inclusive a covariância entre elas. Foram definidas distribuições iniciais uniformes tanto para os efeitos fixos como para os limiares. O parâmetro ν é o grau de liberdade correspondente à distribuição Wishart Invertida, indicando o grau de confiabilidade da distribuição inicial. Neste estu-

do, o parâmetro ν utilizado foi de valor zero, ou seja, não refletia nenhum grau de conhecimento sobre os parâmetros.

Na implementação da Amostragem de Gibbs, utilizou-se um tamanho de cadeia inicial de 500.000 ciclos, sendo que os primeiros 100.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, totalizando 400 amostras iniciais. Em seguida, deu-se continuidade à análise, sendo adicionados 100.000 ciclos a cada rodada, até que as estimativas obtidas na última análise fossem iguais às obtidas na análise anterior. Utilizou-se esse critério com o intuito de verificar se realmente a convergência foi alcançada. As análises das amostras, da correlação serial e da convergência da cadeia de Gibbs foram realizadas com o auxílio do programa GIBANAL (VAN KAAM, 1998).

Após várias tentativas, algumas análises genéticas entre características morfológicas avaliadas na desmama e pesos aos 365 e 450 dias de idade não atingiram a convergência da cadeia de Gibbs, ocorrendo o fenômeno *blowing up*, citado por VARONA et al. (1999). Assim, com o objetivo de superar este problema, não foi incluído o efeito aleatório genético aditivo materno para essas características morfológicas. Além disso, assumiu-se como fixo o valor inicial do componente de variância referente ao efeito aleatório de grupo de contemporâneos e o parâmetro ν refletia algum grau de conhecimento sobre a distribuição inicial dos componentes de (co)variâncias.

O erro de Monte Carlo é o erro da estimação do parâmetro em razão do número de amostras usadas na cadeia de Gibbs (VAN TASSEL & VAN VLECK, 1996). O erro de Monte Carlo foi estimado calculando a variância das amostras retiradas para cada componente de (co)variância e dividindo esta variância pelo número de amostras. Assim, a raiz quadrada deste valor é uma aproximação do desvio-padrão do erro associado com o tamanho da cadeia de Gibbs.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Utilizaram-se tamanhos de cadeia de Gibbs de 500.000 até 700.000 ciclos na obtenção dos

parâmetros genéticos para as características categóricas morfológicas e as características contínuas de crescimento, considerando análises bicaracterísticas sob modelo animal linear-limiar (JANSS & FOULLEY, 1993). Para todas as análises, o descarte inicial e o intervalo amostral foram de 100.000 e 1.000 ciclos, respectivamente.

Na Tabela 4 são apresentadas as estimativas de correlação genética, entre as características morfológicas, avaliadas aos 8, 15 e 22 meses de idade, e o peso aos 210 dias de idade. Observa-se que as estimativas médias de correlação genética foram de alta magnitude para M_8 , E_8 e C_8 com o P210, porém para SAC_8 a estimativa foi próxima à zero. Obtiveram-se estimativas altas também para as características morfológicas M_{15} , E_{15} e C_{15} . O mesmo ocorreu para E_{22} e C_{22} . Embora positiva, a estimativa da média para correlação genética entre M_{22} e P210 apresentou-se de menor magnitude. Em relação às características SAC_{15} e SAC_{22} , observaram-se estimativas de correlações genéticas negativas e baixas, indicando que o formato, a angulação e a largura da garupa não têm associação genética com o peso.

De modo geral, as estimativas das correlações genéticas obtidas indicam que a seleção direta para M, E e C, em qualquer idade, teria como resposta correlacionada o aumento do P210. Esses resultados corroboram os obtidos por JORGE JÚNIOR et al. (2001) e KOURY FILHO (2005), que também encontraram estimativas moderadas a altas para as correlações genéticas entre P210 com conformação, precocidade e musculosidade, avaliadas na desmama, em bovinos da raça Nelore. No entanto, é importante destacar que a metodologia de avaliação visual abordada por esses autores é diferente, teoricamente, da metodologia MERCOS (LÔBO, 1996) empregada neste estudo.

Na Tabela 4 também são apresentados os desvios-padrão do erro de Monte Carlo, com o intuito de verificar a qualidade das estimativas obtidas pelo método da Amostragem de Gibbs sob análises bicaracterísticas utilizando modelo animal linear-limiar. Pode-se constatar que o uso do modelo de limiar para as características categóricas, juntamente com o modelo linear para as

características contínuas, permitiu a obtenção de estimativas acuradas dos parâmetros genéticos. O desvio-padrão do erro de Monte Carlo foi muito pequeno para todas as análises, confirmando que o tamanho da cadeia amostral utilizada foi suficiente para obter estimativas precisas das médias posteriores. De acordo com VAN TAS-

SEL & VAN VLECK (1996), o erro de Monte Carlo é inversamente proporcional ao tamanho da cadeia de Gibbs, e conhecer este fator é muito importante para avaliar se a implementação da Amostragem de Gibbs foi adequada para gerar as médias posteriores das distribuições marginais dos componentes de (co)variâncias.

TABELA 4. Estatística descritiva das estimativas de correlação genética entre o peso aos 210 dias de idade (P210) e as características categóricas musculosidade (M), estrutura física (E), conformação (C) e sacro (SAC), avaliadas aos 8, 15 e 22 meses de idade em bovinos da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas bicaracterísticas sob modelo animal linear-limiar.

Característica	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC ^{DP}
M ₈	0,97	0,99	0,98	0,92 a 0,99	0,0010
E ₈	0,97	0,99	0,99	0,90 a 0,99	0,0011
C ₈	0,99	0,99	0,99	0,98 a 0,99	0,0002
SAC ₈	0,01	0,05	0,03	-0,43 a 0,48	0,0115
M ₁₅	0,74	0,75	0,75	0,60 a 0,84	0,0031
E ₁₅	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0000
C ₁₅	0,99	0,99	0,99	0,97 a 0,99	0,0004
SAC ₁₅	-0,35	-0,34	-0,36	-0,63 a -0,09	0,0065
M ₂₂	0,62	0,61	0,62	0,45 a 0,75	0,0037
E ₂₂	0,94	0,99	0,96	0,80 a 0,99	0,0025
C ₂₂	0,89	0,87	0,89	0,80 a 0,99	0,0017
SAC ₂₂	-0,35	-0,29	-0,35	-0,63 a -0,06	0,0062

RC: região de credibilidade a 95%, EMC^{DP}: desvio-padrão do erro de Monte Carlo.

Na Tabela 5 são apresentadas as estatísticas descritivas das correlações genéticas entre as características morfológicas, avaliadas aos 8, 15 e 22 meses de idade, e os pesos aos 365 e 450 dias de idade. As estimativas de médias das correlações genéticas entre as características morfológicas e o P365 e P450 foram positivas e de alta magnitude para M, E e C, em todas as idades, conforme observado também para o P210 (Tabela 4). Para SAC₈, a estimativa foi de baixa magnitude, porém positiva, o que não ocorreu para SAC₁₅ e SAC₂₂, em que as estimativas se apresentaram negativas. Estes resultados confirmam que os genes responsáveis em parte pela expressão fenotípica do osso sacro são diferentes dos genes de crescimento. Ressalta-se que as estimativas de correlação genética obtidas por KOURY FILHO (2005), com Nelore, e CARDOSO et al. (2004), com Angus, para as caracte-

rísticas morfológicas conformação, precocidade e musculosidade com o peso ao sobreano, foram semelhantes às encontradas neste estudo.

Observa-se que as regiões de credibilidade a 95% para as análises envolvendo as características SAC₈, SAC₁₅ e SAC₂₂ apresentaram grande variação e, conseqüentemente, maior dispersão das estimativas de correlação genética. No entanto, o erro de Monte Carlo pode ser considerado pequeno, o que comprova que a análise bicaracterística, sob modelo animal linear-limiar, foi implementada adequadamente. Além disso, à medida que as estimativas de correlação genética atingem menores magnitudes, espera-se que as regiões de credibilidade apresentem maiores amplitudes.

O efeito aleatório genético aditivo materno não foi incluído nas análises entre as caracte-

ticas morfológicas na desmama e P365 ou P450 pela dificuldade de convergência da cadeia de Gibbs. VAN TASSEL et al. (1998) alertaram os usuários do *software* MTGSAM Threshold sobre a possibilidade de não se obter a convergência ao incluir o efeito materno em análises genéticas sob modelo de limiar. Além disso, a estrutura dos dados pode ter dificultado a estimação deste componente de variância. Usando modelo animal de limiar, outros autores (MORENO et al., 1997; LUO et al., 2001; MARCONDES, 2003; PHOCAS & LALOE, 2003) também encontraram dificuldades para atingir a convergência da cadeia

de Gibbs. Porém, o uso de modelos lineares para dados categóricos é questionado em diversos trabalhos (HOESCHELE et al., 1995; SORENSEN et al., 1995; MATOS et al., 1997; ALTARRIBA et al., 1998; VAN TASSEL et al., 1998; VARONA et al., 1999; LUO et al., 2001; KORSGAARD et al., 2003; SILVA et al., 2003), pelo fato de estes não serem teoricamente adequados para características categóricas, podendo subestimar os parâmetros genéticos e gerar conclusões equivocadas, no que se refere ao ganho genético dessas características, quando submetidas à seleção.

TABELA 5. Estatística descritiva das estimativas de correlação genética dos pesos aos 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade com as características de musculosidade (M), estrutura física (E), conformação (C) e sacro (SAC), avaliadas aos 8, 15 e 22 meses de idade em bovinos da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas bicaracterísticas sob modelo animal linear-limiar.

Característica	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC ^{DP}
P365					
+ M ₈	0,85	0,87	0,86	0,77 a 0,91	0,0015
+ E ₈	0,80	0,79	0,80	0,71 a 0,87	0,0018
+ C ₈	0,97	0,99	0,98	0,92 a 0,99	0,0011
+ SAC ₈	0,40	0,45	0,43	0,00 a 0,72	0,0076
+ M ₁₅	0,91	0,89	0,91	0,82 a 0,99	0,0024
+ E ₁₅	0,99	0,99	0,99	0,95 a 0,99	0,0005
+ C ₁₅	0,98	0,99	0,99	0,93 a 0,99	0,0009
+ SAC ₁₅	-0,06	-0,03	-0,06	-0,34 a -0,20	0,0056
+ M ₂₂	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0000
+ E ₂₂	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0000
+ C ₂₂	0,92	0,91	0,92	0,83 a 0,98	0,0017
+ SAC ₂₂	-0,29	-0,26	-0,29	-0,52 a -0,01	0,0052
P450					
+ M ₈	0,77	0,79	0,78	0,64 a 0,87	0,0028
+ E ₈	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0001
+ C ₈	0,83	0,85	0,85	0,65 a 0,95	0,0034
+ SAC ₈	0,14	0,18	0,15	-0,32 a 0,59	0,0097
+ M ₁₅	0,86	0,89	0,86	0,78 a 0,93	0,0016
+ E ₁₅	0,97	0,99	0,99	0,89 a 0,99	0,0015
+ C ₁₅	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0000
+ SAC ₁₅	-0,25	-0,24	-0,25	-0,51 a 0,05	0,0063
+ M ₂₂	0,88	0,87	0,88	0,76 a 0,99	0,0028
+ E ₂₂	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0000
+ C ₂₂	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0000
+ SAC ₂₂	-0,25	-0,24	-0,25	-0,49 a 0,02	0,0058

RC: região de credibilidade a 95%, EMC^{DP}: desvio-padrão do erro de Monte Carlo.

Na Tabela 6 são apresentadas as estatísticas descritivas das estimativas de correlação genética entre as características morfológicas avaliadas em vacas adultas e o peso da vaca adulta. As estimativas de correlações genéticas foram de 0,99 para M_{VA} , E_{VA} e C_{VA} , indicando que am-

bas as características podem ser determinadas pelos mesmos conjuntos de genes. A característica SAC_{VA} apresentou estimativa de correlação genética de baixa magnitude com o PAV, conforme observado também para os pesos P210, P365 e P450.

TABELA 6. Estatística descritiva das estimativas de correlação genética para a característica contínua peso adulto da vaca (PAV) com as características categóricas musculosidade (M), estrutura física (E), conformação (C) e sacro (SAC), avaliadas em vacas adultas da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas bicaracterísticas sob modelo animal linear-limiar.

Característica	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC ^{DP}
M_{VA}	0,99	0,99	0,99	0,98 a 0,99	0,0000
E_{VA}	0,99	0,99	0,99	0,99 a 1,00	0,0000
C_{VA}	0,99	0,99	0,99	0,97 a 0,99	0,0004
SAC_{VA}	0,35	0,37	0,36	-0,01 a 0,61	0,0070

RC: região de credibilidade a 95%, EMC^{DP}: desvio-padrão do erro de Monte Carlo.

A razão fundamental para se estudar o peso adulto das vacas é que o tamanho, do qual o peso corporal é um dos melhores indicadores, afeta os custos de manutenção e a eficiência biológica e econômica dos rebanhos (ROSA et al., 2001). Além disso, é relacionado à estrutura corporal, harmonia e equilíbrio dos animais que, juntamente com outras características fisiológicas, atuam diretamente sobre os mecanismos de adaptabilidade ao meio ambiente. Parece haver consenso na literatura (ROSA et al., 2001; SCHWENGBER et al., 2001; JORGE JÚNIOR et al., 2004; MERCADANTE et al., 2004) de que animais de grande porte podem ser mais eficientes em ambiente com fartura de alimentos, porém, em situações de restrição alimentar, devem ser preferidos os de porte médio, ou até pequenos.

É importante ressaltar que as herdabilidades obtidas para os escores visuais M_{VA} , E_{VA} e C_{VA} foram baixas, principalmente, para M_{VA} , indicando que a contribuição da variância residual foi relativamente grande para esta característica. Isso pode ser explicado pelo fato de a avaliação visual em vacas adultas não ser relativa ao grupo de contemporâneos, permitindo maior influência ambiental. De acordo com JORGE JÚNIOR et

al. (2001), DAL FARRA et al. (2002) e CARDOSO et al. (2004), para se obter estimativas de herdabilidades mais acuradas para as características de escores visuais, a variação ambiental deve ser reduzida através do melhor controle do ambiente, como a formação adequada de grupos contemporâneos no momento da avaliação visual. KIPPERT et al. (2006) relataram que as características morfológicas avaliadas visualmente podem ser inseridas em programas de melhoramento genético, desde que ocorra redução do componente de variância ambiental, por meio de um melhor controle do ambiente.

O fato de se ter obtido neste trabalho algumas estimativas de correlações genéticas próximas a um pode ser explicado pelas grandes diferenças nas escalas dos componentes de variância genética aditiva entre os escores visuais e os pesos. Essas diferenças de escalas, com estimativas muito pequenas ou próximas a zero para a variância genética aditiva dos escores visuais, permitiram um “domínio” do denominador na fórmula da correlação genética, levando à obtenção de estimativas muito altas.

De modo geral, pode-se inferir que a seleção para os escores visuais, avaliados em

qualquer idade, permite obter ganho genético também para as características de crescimento. As altas estimativas de correlações genéticas obtidas neste estudo confirmam que animais com melhor distribuição e desenvolvimento de massa muscular (musculosidade), com adequada ossatura dos membros para sustentação do corpo (estrutura física) e equilíbrio entre comprimento, profundidade e largura do esqueleto (conformação) podem levar a animais mais pesados.

CONCLUSÃO

A seleção direta para as características morfológicas de musculosidade, estrutura física e conformação, avaliadas tanto ao desmame quanto ao sobreano, apresenta resposta correlacionada favorável com o peso. No entanto, a seleção para o sacro, avaliado em qualquer idade, não interfere no progresso genético de características de peso. Já a seleção direta para os escores visuais avaliados em vacas adultas pode levar também ao aumento do peso adulto das vacas.

AGRADECIMENTOS

À ANCP, pela concessão dos dados, ao Departamento de Genética e Melhoramento da UNESP/Jaboticabal, à Escola de Veterinária da UFG e à Embrapa Arroz e Feijão, pelo apoio técnico-científico, e ao CNPq, pelo suporte financeiro.

REFERÊNCIAS

- ALTARRIBA, J.; VARONA, L.; GARCIA-CORTÉS, L.A.; MORENO, C. Bayesian inference of variance components for litter size in rasa Aragonesa sheep. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 23-28, 1998.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK L.D.; VAN TASSEL, C.P.; KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]**. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Lincoln, NE, 120 p, 1995.
- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 2, p. 313-319, 2004.
- DAL FARRA, R.A.; ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S. Efeitos de ambiente e de heterose sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame e sobre os escores visuais ao desmame de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 3, p. 1350-1361, 2002.
- GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characteres. **Jouranl of Animal Science**, v. 54, n. 5, p. 1079-1096, 1982.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for orderer categorical data with a threshold model. **Genetics, Slection, Evolution**, v. 15, p. 201-224, 1983.
- GIANOLA, D.; SORENSEN, D. **Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer, 2007. 740 p. Statistics for Biology and Health.
- GILMOUR, A.R.; ANDERSON, R.D.; RAE, A.C. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. **Biometrika**, v. 72, p. 593-599, 1985.
- HARVILLE, D.A.; MEE, R.W. A mixed-model procedure for analyzing ordered categorical data. **Biometrics**, v. 40, p. 393-408, 1984.
- HOESCHELE, I.; TIER, B.; GRASER, H.U. Multiple trait genetic evaluation for one polychotomous trait and several continuous traits with missing data and unequal models. **Journal of Animal Science**, v. 73, p. 1609-1627, 1995.
- JANSS, J.L.; FOULLEY, J.L. Bivariate analysis for one continuous and one threshold dichotomous trait with unequal design matrices and an application to birth weight and calving difficulty. **Livestock Production Science**, v. 33, p. 183-198, 1993.
- JORGE JÚNIOR, J.; PITA, F.V.C.; FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L. G. Influência de alguns fatores de ambiente sobre os escores de conformação, precocidade e musculatura à desmama em um rebanho da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n. 6, p. 1697-1703, 2001.
- JORGE JÚNIOR, J.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L. G. Fatores de correção de escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, à desmama, para idade da vaca ao parto, data juliana de nascimento e idade à desmama em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 2044-2053, 2004.

- KIPPERT, C.J.; RORATO, P. R.N.; CAMPOS, L.T.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; GHELLER, D.G.; LOPES, J.S. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual a desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça Charolês. **Ciência Rural**, v. 36, n. 2, p. 579-585, 2006.
- KOCH, R.M.; CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Direct and maternal genetic responses to selection for weaning or yearling weight and muscle score in Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 73, p. 2951-2958, 1995.
- KORSGAARD, I.R.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; MADSEN, P.; JENSEN, J. Multivariate bayesian analysis of Gaussian, right censored Gaussian, ordered categorical and binary traits using Gibbs sampling. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 35, p. 159-183, 2003.
- KOURY FILHO, W. **Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte**. Jaboticabal, 2005. 80 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual Paulista.
- LIMA, F.P.; BONILHA NETO, L.M.; RAZOOK, A.G. Parâmetros genéticos em características morfológicas de bovinos Nelore. **Boletim da Indústria Animal**, v. 46, n. 2, p. 249-257, 1989.
- LÔBO, R.B. **Programa de melhoramento genético da raça Nelore**. Ribeirão Preto: FINEP, 1996. 100 p.
- LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; BERGMANN, J. A. G.; SAINZ, R. D.; BARROS, P. S. **Avaliação genética de touros e matrizes da raça Nelore**: Sumário 2006. Ribeirão Preto: ANCP, 2006. 124 p.
- LUO, M. F.; BOETTCHER, P. J.; SCHAEFFER, L. R. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **Journal Dairy Science**, v. 84, n. 3, p. 694-704, 2001.
- LUO, M. F.; BOETTCHER, P. J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using Bayesian methods. **Livestock Production Science**, v. 74, p. 175-184, 2002.
- MARCONDES, C.R. **Análise bayesiana da probabilidade de permanência no rebanho como característica de seleção para a raça Nelore**. Ribeirão Preto, SP, 2003. 83 f. Tese (Doutorado em Genética) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo.
- MATOS, C.A.P.; THOMAS, D.L.; GIANOLA, D.; TEMPELMAN, R.J.; YOUNG, L.D. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. **Journal of Animal Science**, v. 75, p. 76-87, 1997.
- MAY, G.S.; MIES, W.L.; EDWARDS, J.W.; WILLIAMS, F.L. Effect of frame size, muscle score and external fatness on live and carcass value of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 70, p. 3311-3316, 1992.
- MERCADANTE, M.E.Z.; RAZOOK, A.G.; CYRILLO, J.N.S.G.; FIGUEIREDO, L.A. Efeito da seleção para crescimento na permanência de vacas Nelore no rebanho até cinco anos de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n. 2, p. 344-349, 2004.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 1, p.179, 1992.
- MORENO, C.; SORENSEN, D.; GARCIA-CORTÉS, L. A.; VARONA, L.; ALTARRIBA, J. On biased inferences about variance components in the binary threshold model. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 29, p. 145-160, 1997.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. **Biometrics**, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PHOCAS, F.; LALOE, D. Evaluation models and genetic parameters for calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 933-938, 2003.
- RAZOOK, A. G.; LIMA, F. P.; BONILHA NETO, L. M.; PACOLA, L. J.; FIGUEREDO, L. A. Respostas correlacionadas à seleção para peso pós-desmama sobre características morfológicas em bovinos Nelore. **Boletim da Indústria Animal**, v. 47, n. 1, p. 11-18, 1990.
- ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameter for weights of Australian Angus Cattle. **Livestock Production Science**, v. 45, p. 1-11, 1996.
- ROSA, A. N. R.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N.; BEZERRA, L. A. F.; REYES, A. L. Peso adulto de matrizes em rebanhos de seleção da raça Nelore no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n. 3, p. 1027-1036, 2001.
- SAS Institute Inc. **SAS OnlineDoc® 9.1.3**. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2004.

SCHAEFFER, L.; CALUS, M.; LIU, X. Genetic evaluation of conformation traits using random contemporary groups and reducing the influence of parent averages. **Livestock Production Science**, v. 69, p.129-137, 2001.

SCHWENGBER, E.B.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Accumulated productivity as selection criteria in Nelore breeds females. **Ciência Rural**, v.31, p. 483-486, 2001.

SILVA, J.A.V.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; OLIVEIRA, H.N. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 3, p. 598-604, 2003.

SILVA, J.A.V.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 5, p. 1568-1572, 2005.

SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D.; KORSGAARD, I. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 27, p. 229-249, 1995.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v. 74, p. 2586-2597, 1996.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K. E. Bayesian Analysis of Twinning and Ovulation Rates Using a Multiple-Trait Threshold Model and Gibbs Sampling. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 2048 - 2061, 1998.

VAN KAAM, J. B. C. H. M. **Gibanal 2.9**: Analyzing Program for Markov Chain Monte Carlo Sequences. Dep. Anim. Sci., Wageningen Agricultural University, Wageningen, The Netherlands, 1998.

VARONA, L.; MIZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Threshold-linear *versus* linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: I. Variance Component Estimation. **Journal of Animal Science**, v. 77, p. 1994-2002, 1999.

Protocolado em: 18 jun. 2007. Aceito em: 1º. fev. 2008.