

Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore

Threshold and linear bayesian models in the genetic parameters estimation for morphological traits in Nelore cattle

PIRES, Bruno Carlos^{1*}, FARIA, Carina Ubirajara², VIU, Marco Antônio de Oliveira¹, TERRA, Juliano Pereira¹, LOPES, Dyomar Toledo¹, MAGNABOSCO, Cláudio Ulhôa³, LÔBO, Raysildo Barbosa⁴

¹Universidade Federal de Goiás, Jataí, Goiás, Brasil.

²Universidade Federal de Uberlândia, Faculdade de Medicina Veterinária, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

³Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil.

⁴Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

*Endereço para correspondência: brunopires01@hotmail.com

RESUMO

Objetivou-se comparar as estimativas de parâmetros genéticos para as características morfológicas de estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade, obtidas através de análises bayesianas, a partir dos modelos de limiar e linear. Foram utilizados dados de escores visuais, ao sobreano, de 4.155 bovinos da raça Nelore, pertencentes a rebanhos participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. Os animais foram avaliados visualmente pelo método denominado SAM (Sistema de Avaliação Morfológica). Para a estimação dos parâmetros genéticos, foram realizadas análises unicaracterísticas a partir dos modelos de limiar e linear (características morfológicas) e análises bicaracterísticas que levavam em conta os modelos de linear-limiar e linear-linear (incluindo o peso aos 120 dias de idade como característica âncora). Nas análises unicaracterísticas, verificou-se que as estimativas de herdabilidade foram semelhantes para ambos os modelos. Para as análises bicaracterísticas, as estimativas de herdabilidade obtidas no modelo linear-linear apresentaram maior magnitude do que aquelas obtidas no modelo linear-limiar. Entretanto, as correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para os diferentes modelos (limiar e linear ou linear-linear e linear-limiar) mostraram haver mínima alteração na colocação dos animais, e essa modificação foi insuficiente para alterar sua classificação quanto ao percentil, ou seja, todos os animais TOP1%,

quando utilizados modelos lineares, continuaram TOP1%, com a utilização de modelos de limiar. Na avaliação genética de características morfológicas, avaliadas por escores visuais, pode-se utilizar tanto o modelo de limiar quanto o modelo linear.

Palavras-chave: bovinos de corte, escores visuais, inferência bayesiana

SUMMARY

It was aimed to compare the estimates of genetic parameters for body structure, finishing precocity and muscling obtained in single-trait and two-trait bayesian analyses under linear and threshold models. Visual scores obtained from 4,155 Nelore cattle at yearling, belonging to the Brazilian Nelore Program, were used. The animals were evaluated visually by method SAM (System of Morphologic Evaluation). Genetic parameters were estimated by single-trait bayesian analysis considering linear and threshold models (morphological traits) and two-trait bayesian analysis considering linear-linear and linear-threshold models (including the weight to the 120 days). In single-trait analysis, it was verified that heritability estimated were similar for both the models. When considering two-trait analysis, the heritability estimates obtained in the linear-linear model had presented greater magnitude than that in the linear-threshold model. However, the Spearman correlations among the breeding values for different models

(linear or threshold and linear-linear or linear-threshold) showed low alteration in the placement of the animals, and it was an insufficient modification to alter their classification as for the percentile, in other words, all the animals TOP1%, when linear models were used, continued being TOP1% when used threshold models. In the genetic evaluation of animals for morphological traits, the linear or threshold model can be used in genetic improvement programs.

Key-words: bayesian inference, beef cattle, visual scores

INTRODUÇÃO

A avaliação morfológica tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento genético de bovinos de corte, especialmente, em rebanhos da raça Nelore. Pesquisas já realizadas sugerem que a seleção baseada em escores visuais pode ser efetiva, visto que as estimativas de herdabilidade obtidas são de média à alta magnitude (KIPPERT et al., 2006; FORNI et al., 2007; FARIA et al., 2008; FARIA et al., 2009; YOKOO et al., 2009).

Recentemente, no Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) foi desenvolvido o Sistema de Avaliação Morfológica (KOURY FILHO, 2005) que aplica modernos procedimentos de coleta de dados para a estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M), com vistas à avaliação genética e à geração de novos índices de seleção. Entretanto, devido à crescente demanda pela predição de valores genéticos para tais características, faz-se necessário que as metodologias de avaliação genética sejam corretamente aplicadas.

A estimativa dos parâmetros genéticos não é uma tarefa fácil, no entanto, é de fundamental importância na obtenção de índices que maximizem a resposta à

seleção e, conseqüentemente, a produção (ARAÚJO et al., 2008; MALHADO et al., 2009). Nesse contexto, o aprimoramento dos métodos de estimação dos parâmetros genéticos tem sido uma constante busca dos pesquisadores, pois esses precisam ser corretamente estimados para que os valores genéticos preditos fiquem o mais próximo possível dos valores reais. As características morfológicas não apresentam distribuição normal dos dados, e uma melhor atenção deve ser dada às análises genéticas, uma vez que os modelos lineares, usuais na avaliação genética, consideram tais características como contínuas, de modo que seja ignorada a natureza discreta dos dados (LUO et al., 2002). Dessa forma, propõe-se a utilização de modelos de limiar que são baseados na suposição de que as classes de dados categóricos estão relacionadas a um delineamento de uma escala subjacente normal (GIANOLA & SORENSEN, 2002). Verificam-se poucos estudos em relação à aplicação de modelos de limiar na avaliação genética de características morfológicas (FARIA et al., 2008; FARIA et al., 2009)

Objetivou-se comparar as estimativas de parâmetros genéticos para as características morfológicas de estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade, obtidas através de análises bayesianas a partir dos modelos de limiar e linear.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de escores visuais de 4.155 bovinos da raça Nelore, avaliados ao sobreano, provenientes de rebanhos participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP).

Os animais foram avaliados visualmente pelo método denominado SAM (Sistema de Avaliação Morfológica), desenvolvido por KOURY FILHO (2005), em que: para estrutura corporal avalia-se o comprimento corporal e a altura do animal, que corresponde a indivíduos de maior tamanho corporal; em precocidade de terminação avalia-se a relação entre a profundidade de costelas e altura de membros, e corresponde a indivíduos que irão depositar gordura de acabamento mais precocemente; para musculosidade verifica-se a distribuição muscular do indivíduo, além do volume e comprimento dos músculos, e os indivíduos com musculatura mais convexa recebem escores mais altos.

A estruturação do arquivo de dados foi realizada com a utilização do programa Statistical Analysis System (SAS, 2004). Para a consistência dos dados das características morfológicas, o intervalo de idade dos animais seguiu uma variação de 490 a 610 dias. A definição dos grupos de animais contemporâneos para as características categóricas morfológicas foi realizada a partir de fazenda, ano, estação de nascimento, lote de manejo e o técnico que avaliou os animais de um mesmo lote de manejo. Foram eliminados os animais cujo peso aos 120 dias de idade (P120) apresentou 3,5 desvios padrão acima ou abaixo da média do seu grupo contemporâneo. Também foram eliminados os grupos contemporâneos que continham menos de quatro animais e sem variabilidade para as características estudadas.

Os parâmetros genéticos foram estimados, para fins de comparação, mediante análises bayesianas unicaracterísticas, sob modelo animal de linear e limiar, e análises bayesianas bicaracterísticas (entre peso padronizado aos 120 dias de idade e as

características morfológicas) sob modelo animal de linear-linear e linear-limiar, por meio do aplicativo MTGSAM Threshold (Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models) desenvolvido por VAN TASSELL et al. (1998). Para minimizar o efeito de pré-seleção, o peso padronizado aos 120 dias de idade (P120) foi usado como característica “âncora” nas análises bicaracterísticas.

Neste estudo, para análises das características morfológicas, considerou-se o efeito de sexo (dois níveis) e de classe de idade da vaca ao parto (seis níveis) como efeitos fixos, os grupos de contemporâneos como efeitos aleatórios e a idade do animal no momento da coleta como covariável (efeito linear). Os grupos contemporâneos foram considerados como efeito aleatório, segundo as recomendações de VARONA et al. (1999), que preconizam tal procedimento devido às dificuldades em prever os valores genéticos de características categóricas, quando se tem grande número de níveis de efeitos fixos no modelo animal de limiar.

O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2c + e$$

em que y é o vetor das observações (escala subjacente contínua para as características morfológicas), β é o vetor dos efeitos fixos, a é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal, c é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionados, e é o vetor de efeitos aleatórios residuais, e X , Z_1 , e Z_2 são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e não correlacionados, respectivamente. O

arquivo de genealogia incluiu 38.479 animais da raça Nelore.

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

$$U | \theta \sim N(W\theta, I\sigma_e^2)$$

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

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

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, e são fixados valores iniciais de limiares, em que $t_1 < t_2 \dots < t_{j-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, onde j é o número de categorias. Os dados observáveis são dependentes da variável subjacente que é limitada entre dois limiares não observáveis (GIANOLA & SORENSEN, 2002). Assim, as categorias ou escores de y_i (características morfológicas ao sobreano) para cada animal i são definidos por U_i , na escala subjacente:

$$y_i = \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \leq t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \leq t_2 \\ 3 & t_2 < U_i \leq t_3 \\ 4 & t_3 < U_i \leq t_4 \\ 5 & t_4 < U_i \leq t_5 \\ 6 & t_5 < U_i \leq t_6 \quad i = 1, \dots, n \end{cases}$$

em que, n é o número de observações para cada escore. Após as especificações dos limiares t_0 a t_6 , é necessário que dois limiares (de t_1 a t_5) sejam ajustados a uma constante arbitrária (VAN TASSELL et al., 1998). Assim, a variância residual foi

estimável, bem como a covariância residual entre as características e assumiu-se $t_1 = 0$ e $t_2 = 1$. As distribuições iniciais das (co)variâncias foram assumidas como uma Wishart Invertida para os efeitos aleatórios genéticos, não correlacionados e residuais das características estudadas. 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 e indica o grau de confiabilidade da distribuição inicial. Neste estudo, o parâmetro ν utilizado foi *flat*, ou seja, não refletia grau de conhecimento sobre os parâmetros. Na implementação da Amostragem de Gibbs, foi utilizado um tamanho de cadeia de 1.000.000 ciclos, e os primeiros 300.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, com total de 700 amostras. 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).

O erro de Monte Carlo foi estimado com cálculo da raiz da divisão da variância das amostras retiradas para cada estimativa de herdabilidade pelo número de amostras. As soluções dos valores genéticos foram utilizadas para calcular as correlações de posto ou correlações de Spearman entre os modelos comparados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com as pressuposições bayesianas, distribuições posteriores semelhantes a uma distribuição normal (Figura 1 e 2), há indicação de que houve convergência da cadeia de Gibbs, com obtenção de estimativas adequadas dos componentes de (co)variância para as características morfológicas (VAN TASSELL et al., 1998).

Outro indicador de que as análises atingiram a convergência é demonstrado pelo erro de Monte Carlo. Esse erro avalia se a implementação da Amostragem de Gibbs foi adequada para gerar as médias posteriores das distribuições marginais dos componentes de (co)variância. O erro de Monte Carlo é considerado pequeno quando seu valor somado à estimativa média da distribuição posterior dos coeficientes de herdabilidade não altera o valor dessa estimativa, de modo que seja considerada até a segunda casa decimal da herdabilidade (FARIA et al., 2008).

Verifica-se que o erro de Monte Carlo para herdabilidade foi muito pequeno em todas as análises (Tabela 1), o que indica que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias posteriores.

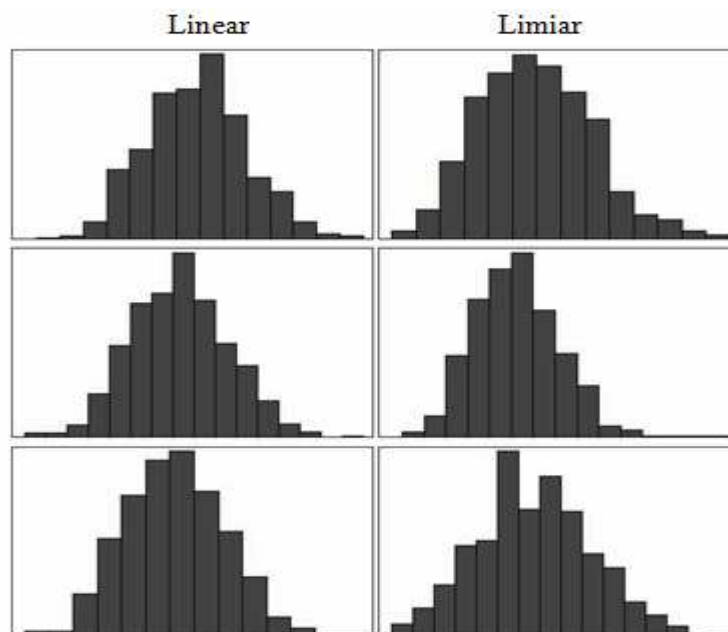


Figura 1. Distribuição das densidades posteriores de herdabilidade para as características de estrutura corporal (superior), precocidade de terminação (meio) e musculosidade (inferior) em análises unicaracterísticas sob modelo animal de limiar e linear

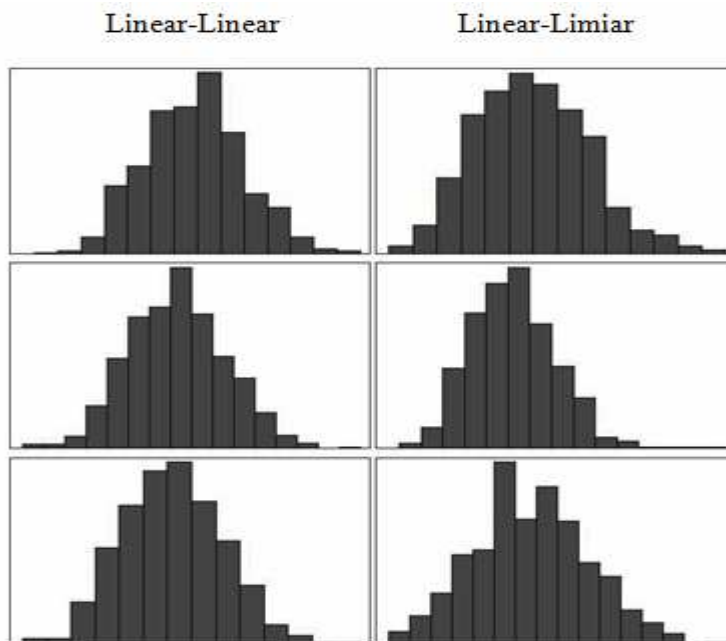


Figura 2. Distribuição das densidades posteriores de herdabilidade para as características de estrutura corporal (superior), precocidade de terminação (meio) e musculosidade (inferior) em análises bicaracterísticas em modelos linear-linear e linear-limiar

Tabela 1. Erro de Monte Carlo das estimativas de herdabilidade para as características estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M), obtidas em análises unicaracterísticas sob modelos de linear e limiar, e bicaracterísticas sob modelos linear-linear e linear-limiar

Erro de Monte Carlo	Análise Unicaracterística		Análise Bicaracterística	
	Linear	Limiar	Linear-Linear	Linear-Limiar
E	0,0013	0,0013	0,0007	0,0015
P	0,0018	0,0018	0,0006	0,0013
M	0,0015	0,0015	0,0007	0,0014

De modo geral, os resultados foram semelhantes para os dois modelos, e os intervalos de maior densidade *a posteriori* a 95% quase se sobrepõem em ambos os modelos (Tabela 2). Resultados semelhantes, de comparação de modelos de linear e limiar, foram encontrados por MATOS et al. (1997), que trabalharam com dados categóricos de características

reprodutivas em ovinos e por FARIA et al. (2008), mediante dados de escores visuais de bovinos Nelore. Entretanto, RAMIREZ-VALVERDE et al. (2001), MWANSA et al. (2002), PHOCAS & LALOË (2003) e MARCONDES et al. (2005) obtiveram estimativas de menor magnitude para o modelo linear em relação ao modelo limiar.

Tabela 2. Estatística descritiva das estimativas de herdabilidade para estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M) avaliadas ao sobreano em bovinos da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas unicaracterísticas, em modelo animal de limiar e linear

Estatística descritiva		Média	Moda	Mediana	HPD (95%) ¹
E	Linear	0,15±0,03	0,16	0,16	0,10 a 0,22
	Limiar	0,16±0,03	0,17	0,16	0,10 a 0,24
P	Linear	0,31±0,04	0,31	0,31	0,22 a 0,39
	Limiar	0,32±0,05	0,33	0,32	0,23 a 0,42
M	Linear	0,22±0,04	0,23	0,22	0,15 a 0,30
	Limiar	0,22±0,04	0,20	0,22	0,15 a 0,30

¹Intervalos de maior densidade a posteriori a 95%

Em relação às análises bicaracterísticas (Tabela 3), observa-se que para as características morfológicas, ao considerar o modelo linear-linear, as estimativas de média, moda e mediana, para herdabilidade, foram de maior magnitude que aquelas obtidas no modelo linear-limiar. Verificou-se também que, para o modelo linear-limiar, as estimativas de herdabilidade

apresentaram maiores intervalos de densidade a posteriori a 95%, apesar de os desvios padrão terem sido pequenos em ambos os modelos.

Esses resultados foram contrários aos relatados por FERREIRA (2008), que verificou que os modelos de limiar tendem a estimar valores de maior magnitude que os modelos de linear.

Tabela 3. Estatística descritiva das estimativas de parâmetros genéticos para as características morfológicas estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M) avaliadas ao sobreano, e o peso padronizado aos 120 dias de idade (P120), obtidas a partir de análises bayesianas bicaracterísticas, sob modelo animal de linear-limiar e linear-linear

Análises		Linear-Linear				Linear-Limiar			
		Média±DP	Mo	Md	HPD 95%	Média±DP	Mo	Md	HPD 95%
P120 ₁	h_1^2	0,40±0,03	0,40	0,40	0,34 a 0,45	0,40±0,03	0,41	0,40	0,34 a 0,46
+	h_2^2	0,39±0,02	0,38	0,39	0,35 a 0,43	0,26±0,04	0,25	0,26	0,18 a 0,33
E ₂	r_g	0,58±0,04	0,60	0,58	0,50 a 0,67	0,73±0,05	0,75	0,74	0,62 a 0,83
P120 ₁	h_1^2	0,39±0,03	0,39	0,39	0,34 a 0,45	0,39±0,03	0,39	0,39	0,34 a 0,45
+	h_2^2	0,45±0,02	0,45	0,45	0,42 a 0,49	0,41±0,04	0,41	0,41	0,34 a 0,48
P ₂	r_g	-0,01±0,06	0,01	0,01	-0,12 a 0,09	0,01±0,06	0,03	0,01	-0,11 a 0,12
P120 ₁	h_1^2	0,39±0,03	0,39	0,38	0,33 a 0,44	0,37±0,03	0,36	0,37	0,31 a 0,42
+	h_2^2	0,40±0,02	0,40	0,40	0,36 a 0,44	0,32±0,04	0,32	0,32	0,25 a 0,39
M ₂	r_g	0,04±0,06	0,05	0,04	-0,09 a 0,16	0,04±0,07	0,03	0,04	-0,09 a 0,17

h^2 = herdabilidade; r_g : correlação genética; DP = desvio padrão; Mo: moda; Md: mediana; HPD = intervalos de maior densidade a posteriori a 95%; os valores subscritos 1 e 2 indicam, respectivamente, características 1 e 2 da análise bicaracterística.

Teoricamente, o uso de modelos de limiar seria mais adequado para estimar os parâmetros genéticos de dados categóricos, por considerar a natureza discreta dos dados ao relacionar a resposta observada na escala categórica a uma escala subjacente normal contínua (SILVA et al., 2005). De acordo com FERREIRA (2008), os métodos lineares, quando aplicados às características discretas, podem apresentar certos problemas metodológicos e conceituais, de forma a se colocar em dúvida a sua utilização.

Entretanto, resultados antagônicos foram verificados na literatura. MARCONDES et al. (2005) não encontram diferença no uso de modelos de limiar, ao trabalharem com a característica *stayability*, e verificaram que os modelos de limiar exigiram maior tempo de processamento. RAMIREZ-VALVERDE et al. (2001) trabalharam com dados de dificuldade de parto e encontram vantagens nos modelos de limiar em modelo animal, porém nenhuma vantagem foi observada em modelo touro avô-materno. VARONA et

al. (1999) estudaram a mesma característica e apontaram vantagens no uso de modelo animal de limiar sobre o de linear. HOESCHELE & GIANOLA (1988) realizaram trabalhos de simulação e observaram vantagens no uso de modelos de limiar.

Quanto às correlações de posto ou correlações de Spearman (Figura 3), todas foram maiores que 99% nas análises unicaracterísticas que correlacionaram os modelos de linear com os de limiar. Já, nas análises bicaracterísticas, que correlacionaram os modelos de linear-linear com os de linear-limiar, obteve-se: P120 com E > 97%; P120 com P > 99%; e P120 com M > 98%. Esses resultados indicam que a classificação dos animais se manteve em ambos os modelos e, conseqüentemente, não influenciaram na classificação dos animais. Resultados semelhantes foram encontrados por MARCONDES et al. (2005) e FARIA et al. (2008) que não detectaram diferenças na classificação dos animais por meio de modelos de linear ou de limiar.

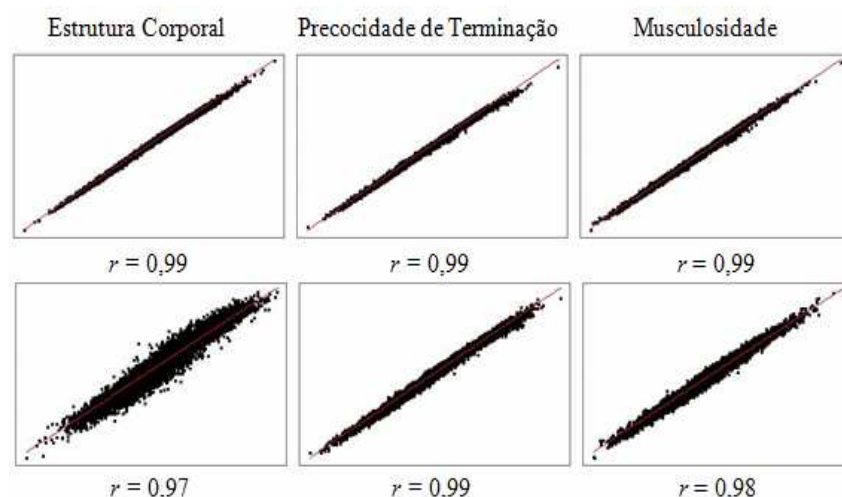


Figura 3. Correlações de posto (r) para as estimativas dos valores genéticos para estrutura corporal, precocidade de terminação e musculabilidade, obtidas a partir de análises unicaracterísticas sob modelo linear e de limiar (superior), e análises bi-características (dados contínuos e categóricos) sob modelo linear-linear e linear-limiar (inferior), utilizando a estatística bayesiana

As mesmas análises de correlação de posto foram realizadas para os animais de maior valor genético (TOP 1%) (Figura 4). Os resultados demonstraram que em análises bicaracterísticas houve alterações na colocação dos animais TOP 1%, no entanto essas mudanças não foram suficientes para alterar a categoria em que se enquadraram, ou

seja, todos os animais TOP 1% em um modelo continuaram a ser TOP 1% no outro.

O uso do modelo limiar exigiu maior tempo de processamento e demanda computacional, no entanto, atualmente, isso não constitui um problema devido ao rápido desenvolvimento de novas tecnologias em informática.

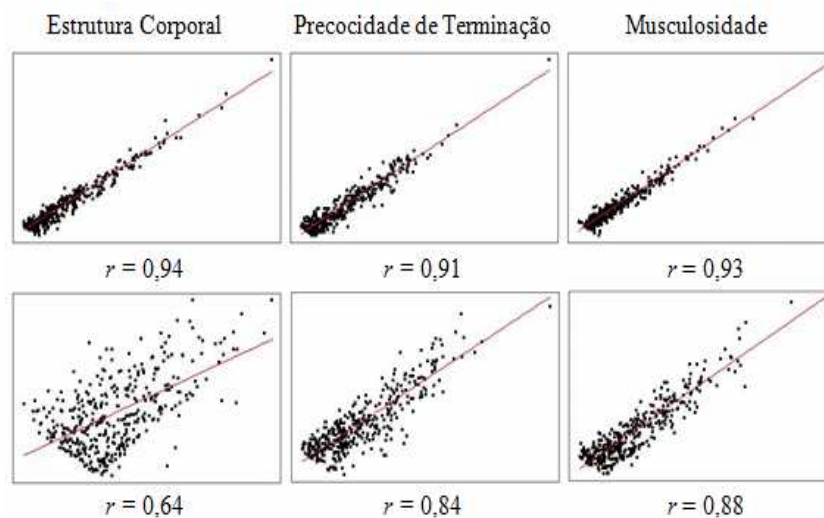


Figura 4. Correlações de posto (r) para as estimativas dos valores genéticos TOP 1% para estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade, obtidas a partir de análises unicaracterísticas sob modelo linear e de limiar (superior), e análises bi-características (dados contínuos e categóricos) sob modelo linear-linear e linear-limiar (inferior), utilizando a estatística bayesiana

Os resultados, no presente estudo, mostraram que as estimativas dos modelos de linear e limiar em análises unicaracterísticas foram muito semelhantes, já nas análises bicaracterística houve diferença em algumas estimativas, porém essa diferença não impactou na classificação quanto ao percentil. Na avaliação genética, pode-se utilizar tanto o modelo de limiar quanto o modelo linear.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, C.V.; CARDOSO, A.M.C.; RAMOS, A.A.; ARAÚJO, S.I.; MARQUES, J.R.F.; TOMAZINI, A.P.I.; CHAVES, L.C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah, mediante inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.9, n.3, p.416-425, 2008. [[Links](#)].

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.7, p.835-841, 2008. [[Links](#)].

FARIA, C.U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nelore beef-cattle. **Genetics and Molecular Biology**, v.32, n.4, p.753-760, 2009. [[Links](#)].

FERREIRA, W.J. Avaliação genética de animais para características categóricas - uma revisão. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia**, v.11, n.2, p.121-128, 2008. [[Links](#)].

FORNI, S.; FEDERICI, J.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.3, p.572-577, 2007. [[Links](#)].

GIANOLA D.; SORENSEN, D. **Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. 2.ed. Statistics for Biology and Health: Springer, 2002. 740p. [[Links](#)].

HOESCHELE, I.; GIANOLA, D. Bayesian versus maximum quasilielihood methods for sire evaluation with categorical data. **Journal of Dairy Science**, v.72, p.1569-1577, 1989. [[Links](#)].

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 à desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça charolês. **Ciência Rural**, v.36, n.2, p.579-585, 2006. [[Links](#)].

KOURY FILHO, W. **Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte**. 2005. 80f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. [[Links](#)].

LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R. 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. [[Links](#)].

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; AFFONSO, P.R.A.M.; PEREIRA, D.G.; SOUZA, J.C. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, n.4, p.830-839, 2009. [[Links](#)].

MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; SILVA, J.A.V.; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p.234-240, 2005. [[Links](#)].

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. [[Links](#)].

MWANSA, P.B.; CREWS, D.H. Jr.; WILTON, J.W.; KEMP, R.A. Multiple trait selection for maternal productivity in beef cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.119, p.391-399, 2002. [[Links](#)].

PHOCAS, F.; LALOË, D. Evaluation models and genetic parameters for calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.81, p.933-938, 2003. [[Links](#)].

RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.333-338, 2001. [[Links](#)].

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc® 9.1.3**. Cary, 2004. [[Links](#)].

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. [[Links](#)].

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. [[Links](#)].

VAN KAAM, J.B.C.H.M. **Gibanal 2.9: Analyzing Program for Markov Chain Monte Carlo Sequences**. Wageningen: Department of Animal Science / Agricultural University, 1998. [[Links](#)].

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. [[Links](#)].

YOKOO, M.J.I.; WERNECK, J.N.W.; PEREIRA, M.C.; ALBUQUERQUE, L.G., KOURY FILHO, W.; SAINZ, R.D.; LÔBO, R.B.; ARAUJO, F.R.C. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.2, p.197-202, 2009. [[Links](#)].

Data de recebimento: 15/01/2010
Data de aprovação: 13/07/2010