



Abordagens freqüentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento¹

Fábio Luiz Buranelo Toral², Maurício Mello de Alencar³, Alfredo Ribeiro de Freitas³

¹ Parte da dissertação de Mestrado do primeiro autor apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Universidade Estadual Paulista/Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. Projeto financiado pela Embrapa e FAPESP.

² Universidade Federal de Mato Grosso.

³ Embrapa Pecuária Sudeste. Bolsista do CNPq.

RESUMO - Este trabalho foi realizado com os objetivos de: a) comparar os componentes de (co)variância obtidos por meio dos métodos da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e da inferência bayesiana (IB); b) realizar a avaliação genética do peso à desmama (P240) e aos 18 meses de idade (P550) de bovinos da raça Canchim, padronizados ou não para 240 e 550 dias de idade, respectivamente, utilizando-se a metodologia dos modelos mistos e a obtenção dos componentes de (co)variância por REML ou IB; e c) verificar a semelhança entre os animais selecionados considerando-se a avaliação genética realizada com os pesos reais ou padronizados e por meio de abordagens freqüentista ou bayesiana. Foram obtidos os componentes de (co)variância, herdabilidade e correlação genética para P240 e P550. Os valores genéticos obtidos foram utilizados para simular um processo de seleção em que 10% dos touros e 50% das vacas com os maiores valores genéticos aditivos diretos teriam chance de reproduzir. Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos estimados por REML, na maioria dos casos, foram inferiores às médias *a posteriori* obtidas por IB. Ocorreram diferenças quanto aos animais selecionados, provavelmente em decorrência das diferenças entre os componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos obtidos. Adotando-se a IB, a inclusão da idade do animal no momento da pesagem como covariável no modelo estatístico não provocou grande alteração dos touros e vacas selecionados.

Palavras-chave: amostrador de Gibbs, intervalo de alta densidade, médias *a posteriori*, seleção

Frequentist and bayesian approaches for genetic evaluation of Canchim beef cattle for growth traits

ABSTRACT - This study aimed to: a) to compare the covariance components obtained by Restricted Maximum Likelihood (REML) and by bayesian inference (BI); b) to run genetic evaluations for weights of Canchim cattle measured at weaning (W240) and at eighteen months of age (W550), adjusted or not to 240 and 550 days of age, respectively, using the mixed model methodology with covariance components obtained by REML or by BI; and c) to compare selection decisions from genetic evaluations using observed or adjusted weights and by REML or BI. Covariance components, heritabilities and genetic correlation for W240 and W550 were estimated and the predicted breeding values were used to select 10% and 50% of the best bulls and cows, respectively. The covariance components obtained by REML were smaller than the *a posteriori* means obtained by BI. Selected animals from both procedures were not the same, probably because the covariance components and genetic parameters were different. The inclusion of age of animal at weighing as a covariate in the statistical model fitted by BI did not change the selected bulls and cows.

Key Words: *a posteriori* mean, Gibbs sampler, high-density interval, selection

Introdução

A seleção é um procedimento utilizado para aumentar a eficiência dos sistemas de produção de gado de corte que tem como princípios básicos a identificação e obtenção de animais geneticamente superiores garantindo o sucesso no melhoramento genético de qualquer espécie (Alves et al., 1999). A metodologia dos modelos mistos (Henderson,

1963), que fornece o Melhor Preditor Linear Não-viesado (BLUP), é utilizada atualmente nas avaliações genéticas de bovinos para características de crescimento, que, em geral, são realizadas considerando os pesos padronizados para as idades de interesse. A padronização dos pesos é, na maioria dos casos, realizada considerando o ganho de peso médio diário, mas esse ajuste nem sempre é suficiente para remover o efeito da idade sobre os pesos considerados,

visto que a idade à desmama pode influenciar o ganho médio diário (Teixeira & Albuquerque, 2003) e a padronização dos pesos.

O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971), é o mais usado atualmente para a estimação dos componentes de (co)variância. Outro método utilizado para obtenção dos componentes de (co)variância e para avaliação genética baseia-se na teoria bayesiana. De acordo com Blasco (2001), tanto os métodos frequentistas (REML) quanto os probabilísticos (IB) possuem fundamentações teóricas consistentes e a escolha de um deles depende da capacidade e da facilidade de resolução de cada caso, bem como de preferências pessoais dos pesquisadores interessados. A REML e a IB podem ser utilizadas para analisar populações submetidas à seleção baseada no valor genético predito por BLUP ou no valor fenotípico (Van Tassell et al., 1995; Duangjinda et al., 2001).

Os componentes de (co)variância estimados via REML e IB podem ser semelhantes, especialmente para características com alta herdabilidade (Van Tassell et al., 1995; Van Tassell & Van Vleck, 1996; Duangjinda et al., 2001). Todavia, as estimativas de erro podem ser menores para os componentes obtidos por inferência bayesiana, em virtude da influência da distribuição *a priori* sobre os componentes de (co)variância *a posteriori*, porém, essas diferenças diminuem quando o número de animais envolvidos nas análises aumenta (Van Tassell et al., 1995). Segundo esses autores, a utilização da IB permite obter, além das estimativas, o intervalo de credibilidade para a distribuição *a posteriori* dos componentes de (co)variância e pode ser mais vantajosa que a REML quando o arquivo de dados é muito grande e os modelos são bastante complexos (Van Tassell et al., 1995; Van Tassell & Van Vleck, 1996).

Apesar do número considerável de estudos na literatura comparando os componentes de (co)variância obtidos por diferentes métodos (Van Tassell et al., 1995; Van Tassell & Van Vleck, 1996; Garner et al., 1998; Duangjinda et al., 2001; Magnabosco et al., 2001), não foram encontrados relatos do impacto da adoção dessas metodologias sobre o processo de avaliação genética dos animais. Dessa forma, este trabalho foi realizado com os objetivos de: comparar os componentes de (co)variância obtidos pelas metodologias frequentista e bayesiana; realizar a avaliação genética do peso à desmama e aos 18 meses de idade de bovinos da raça Canchim, padronizados ou não para 240 e 550 dias de idade, respectivamente, utilizando-se abordagens frequentista e bayesiana; e verificar a concordância dos animais que seriam selecionados quando a avaliação genética é realizada com os pesos reais ou padronizados e com a utilização de abordagens frequentista ou bayesiana.

Material e Métodos

Foram estudados os dados dos pesos à desmama (P240) de 5.498 animais com idade de 180 a 300 dias e dos pesos aos 18 meses de idade (P550) de 4.585 animais com idade de 490 a 610 dias nascidos entre os anos de 1954 e 2000, exceto 1955, pertencentes ao rebanho de bovinos Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, SP. Utilizaram-se apenas os dados de animais criados em pastagens e com suplementação mineral. Maiores informações sobre as condições de alimentação e manejo dos animais podem ser obtidas em Mello et al. (2002).

Foram organizados diferentes arquivos de dados: 1) arquivo com todos os pesos reais à desmama e aos 18 meses de idade disponíveis; 2) arquivo com os pesos à desmama e aos 18 meses de idade de animais cujo conjunto dos resíduos, após o ajustamento para os efeitos fixos do pai, do grupo de contemporâneos (animais do mesmo sexo e nascidos no mesmo ano e mês), da idade do animal no momento da pesagem (efeito linear) e da idade da mãe ao parto (efeitos linear e quadrático) apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero, ou seja, foram eliminados os pesos que distorciam a curva de distribuição dos erros; 3) arquivo com todos os pesos padronizados à desmama (240 dias) e aos 18 meses (550 dias) disponíveis; e 4) arquivo com os pesos padronizados à desmama e aos 18 meses e que apresentavam coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero.

Para padronização dos dados de pesagens à idade de 240 dias (desmama), foi utilizado o ganho de peso diário do nascimento à desmama e, para padronização à idade de 550 dias (18 meses), o ganho de peso diário dos 12 aos 18 meses de idade.

Os arquivos foram compostos pelos dados de animais que apresentaram pelo menos um dos pesos considerados (P240 ou P550). Assim, as diferenças quanto ao número de medidas de P240 e de P550 podem ser atribuídas a morte, a descarte de animais ou a eventuais falhas no processo de pesagem.

Foram realizadas análises exploratórias dos dados utilizando-se procedimentos do SAS (2000). Com essas análises, obtiveram-se as médias e os desvios-padrão, as modas e as medianas, os valores mínimos e máximos e os coeficientes de assimetria e curtose. Também foram realizadas análises de variância para verificar se a padronização dos pesos e/ou a eliminação de alguns deles provocaram alteração significativa nas médias dos pesos à desmama (240 dias) e aos 18 meses (550 dias).

Análises bivariadas do peso à desmama e aos 18 meses de idade foram realizadas para obtenção dos componentes

de (co)variância porque, no rebanho estudado, não ocorre seleção de animais até o momento da desmama. Assim, espera-se evitar o efeito da seleção sobre os componentes de (co)variâncias para o peso aos 18 meses. Utilizou-se um modelo animal com os efeitos aleatórios genéticos aditivos direto e materno e de ambiente materno permanente (não correlacionado), além do resíduo. Os efeitos fixos considerados foram os de grupo de contemporâneos e de idade da vaca ao parto como covariável em dias (efeitos linear e quadrático). Foram também utilizados modelos contendo ou não a idade do animal no dia da pesagem como covariável (efeito linear).

A nomenclatura dos arquivos de dados e dos modelos estatísticos utilizados foi definida como a seguir:

- SP e CP: para os arquivos com os pesos reais e padronizados, respectivamente;
- SA e CA: para os arquivos contendo todos os dados disponíveis para análise e para os arquivos cujos dados que estavam distorcendo a distribuição foram excluídos, respectivamente; e
- SC e CC: para os modelos sem e com, respectivamente, a idade do animal no momento da pesagem como covariável.

Exemplo: SP_SA_SC correspondeu ao arquivo com os pesos reais (SP) de todos os animais, sem a exclusão dos dados que distorciam a distribuição (SA), analisado por um modelo sem a idade do animal como covariável (SC).

O modelo geral utilizado pode ser definido da seguinte forma matricial:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3q + e$$

em que y = vetor de observações (*número de observações* = $n \times 1$); X = matriz de incidência ($n \times$ *número de efeitos fixos* = f) relacionando os efeitos fixos do vetor b ($f \times 1$) aos animais correspondentes em y ; Z_1 ($n \times n$), Z_2 ($n \times n$) e Z_3 ($n \times$ *número de vacas* = nv) matrizes de incidência que relacionam os efeitos aleatórios genéticos aditivos direto e materno e de ambiente materno permanente dos vetores a ($n \times 1$), m ($n \times 1$) e q ($nv \times 1$), respectivamente, aos animais correspondentes em y ; e e = vetor de erros aleatórios ($n \times 1$). As pressuposições de distribuição dos efeitos aleatórios foram:

$$\begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} G & C & 0 & 0 \\ C & M & 0 & 0 \\ 0 & 0 & P & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que G = matriz de (co)variâncias genéticas aditivas diretas, $G = AS_a^2$; A = matriz de parentesco contendo 10.492

animais; M = matriz de (co)variâncias genéticas aditivas maternas, $M = AS_m^2$; C = matriz de covariâncias entre os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, $C = AS_{am}$; P = matriz de (co)variância de ambiente materno permanente, $P = I_{nv}S_q^2$; e R = matriz de (co)variâncias residuais, $R = I_nS_e^2$.

As análises para obtenção dos componentes de (co)variância foram realizadas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita e os valores genéticos foram obtidos por meio do BLUP utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1993). A abordagem bayesiana para obtenção dos componentes de (co)variância e dos valores genéticos foi realizada por meio do Amostrador de Gibbs (AG) utilizando-se o programa MTGSAM (Van Tassel & Van Vleck, 1995). As análises pelo método da IB com AG foram realizadas utilizando-se cadeias de 330.000 ciclos, sendo que os 30.000 iniciais foram descartados e, então, foram obtidas amostras a cada 100 ciclos, totalizando 3.000 amostras dos componentes de (co)variância. Os hiperparâmetros que definem a forma da distribuição inicial dos componentes de (co)variância foram considerados iguais a zero.

As amostras dos componentes de (co)variância obtidas pelo Amostrador de Gibbs foram ordenadas de forma crescente. Os intervalos das amostras 1 e 2.850, 2 e 2.851, ... e 151 e 3.000 foram calculados de modo que cada intervalo continha 95% das amostras (2.850). O menor intervalo foi escolhido para apresentação. Este intervalo pode ser denominado intervalo de alta densidade, pois representa o menor intervalo contendo 95% das amostras obtidas.

Após a estimação dos componentes de (co)variância e a predição dos valores genéticos, foi simulado um processo de seleção em que apenas 10% dos machos (25 touros) e 50% das fêmeas (836 vacas) com os maiores valores genéticos diretos para P240 e P550, para ambas as metodologias e os modelos estatísticos, permaneceriam no rebanho. Com base nas estimativas dos parâmetros obtidas e nos percentuais de seleção de machos e de fêmeas estabelecidos, foram calculados os ganhos genéticos esperados por geração (ΔG), por meio de: $\Delta G = h_{ad}^2 \times S$, em que: h_{ad}^2 representa a herdabilidade direta; e S corresponde ao diferencial de seleção. Neste caso: $S = \frac{1}{2}(S_m + S_f)$, com $S_m = i_m \times s_p$ e $S_f = i_f \times s_p$, em que: i_m , i_f e s_p representam as intensidades de seleção para machos e para fêmeas e o desvio-padrão fenotípico, respectivamente, de acordo com Pereira (2004).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentadas as estatísticas descritivas para os pesos à desmama e aos 18 meses de idade.

As médias dos pesos à desmama (P240) e aos 18 meses de idade (P550) e os desvios-padrão das médias estão dentro do intervalo encontrado na literatura para esta raça (Mascioli et al., 1996; ABCCAN-Embrapa-Genepplus, 2002), sugerindo que os resultados deste estudo podem ser generalizados para outros rebanhos da raça Canchim.

Não houve efeito significativo ($P=0,26$) da padronização sobre as médias do peso à desmama, porém, a eliminação dos pesos que estavam provocando distorção na curva de distribuição dos dados ocasionou aumento significativo ($P=0,0004$) das médias. Esse resultado foi verificado somente porque os coeficientes de assimetria iniciais eram negativos; dessa forma, a maior parte dos animais eliminados possuía pesos baixos, acarretando o deslocamento da média para a direita.

Houve efeito significativo ($P=0,03$) da padronização sobre as médias dos pesos aos 18 meses de idade, provavelmente porque a média de idade dos animais no momento

da pesagem aos 18 meses era de 546 ± 16 dias e, como a padronização foi realizada para 550 dias, a maioria dos animais teve acréscimo no seu peso. A eliminação dos pesos que estavam provocando distorção na curva de distribuição dos dados não teve efeito significativo ($P=0,92$) sobre as médias do peso aos 18 meses porque os coeficientes de assimetria iniciais eram próximos de zero e a eliminação de dados foi realizada tanto para os animais que possuíam pesos elevados como para os que possuíam pesos baixos, apenas para reduzir a curtose.

Segundo Teixeira & Albuquerque (2003), a idade do animal na data da pesagem influencia o ganho de peso diário do animal em determinado período. Em razão desse fato, as discussões serão apresentadas em comparação ao arquivo com os dados padronizados e o modelo com a idade do animal no momento da pesagem como covariável.

Na Tabela 2 são apresentadas as estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para os pesos à desmama e aos 18 meses de idade obtidas pelo método REML.

Considerando-se a idade do animal no momento da pesagem como covariável (efeito linear) e a metodologia

Tabela 1 - Estatísticas descritivas dos pesos à desmama e aos 18 meses de idade ajustados para os efeitos de touro, grupo de contemporâneos e idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático)

Table 1 - Descriptive statistics for weaning weight and weight at eighteen months of age adjusted for the effects of bull, contemporary group, age of cow at calving (linear and quadratic effects)

Estatística ² Statistic	Arquivo ¹ File			
	SP_SA	SP_CA	CP_SA	CP_CA
	Peso à desmama Weaning weight			
MD±DP (kg)	198±38	200±35	198±37	199±35
MO/ME (kg)	200/200	200/200	192/199	192/199
MIN/MAX (kg)	53/342	78/317	53/351	79/327
N	5.498	5.242	5.450	5.282
ASSI1/CURT1	-0,33/1,18	-0,04/-0,16	-0,31/1,25	-0,13/-0,16
ASSI2/CURT2	-0,32/1,14	-0,03/-0,20	-0,29/1,20	-0,11/-0,14
	Peso aos 18 meses de idade Weight at 18 months of age			
MD±DP (kg)	280±52	280±50	281±52	281±50
MO/ME (kg)	270/280	270/280	260/280	260/280
MIN/MAX (kg)	120/530	130/470	119/545	128/462
N	4.585	4.475	4.394	4.285
ASSI1/CURT1	0,01/1,29	-0,14/0,11	0,01/1,47	-0,13/-0,09
ASSI2/CURT2	-0,01/1,23	-0,12/0,10	-0,01/1,44	-0,13/-0,07

¹ SP_SA = arquivo com os pesos reais de todos os animais; SP_CA = arquivo com os pesos reais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero; CP_SA = arquivo com os pesos padronizados de todos os animais; e CP_CA = arquivo com os pesos padronizados dos animais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero.

² MD ± DP = Média ± desvio padrão, MO = moda, ME = mediana, MIN = valor mínimo, MAX = valor máximo, N = número de dados, ASSI1 e CURT1 = assimetria 1 e curtose 1, calculadas considerando-se um modelo com a idade do animal como covariável, ASSI2 e CURT2 = assimetria 2 e curtose 2, calculadas considerando-se um modelo sem a idade do animal como covariável.

¹ SP_SA = file with observed weights of all animals; SP_CA = file with observed weights, with skewness and kurtosis near zero; CP_SA = file with adjusted weights of all animals; and CP_CA = file with adjusted weights, with skewness and kurtosis near zero.

² MD ± DP = mean ± standard deviation, MO = mode, ME = median, MIN = minimum value, MAX = maximum value, N = number of records, ASSI1 and CURT1 = skewness 1 and kurtosis 1, using a model with animal's age at weight as covariable, ASSI2 and CURT2 = skewness 2 and kurtosis 2, using a model without animal's age at weight as covariable.

Tabela 2 - Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para os pesos à desmama (P240) e aos 18 meses de idade (P550), obtidos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita

Table 2 - Covariance components and genetic parameters for weaning weight (P240) and weight at eighteen months of age (P550) obtained by Restricted Maximum Likelihood

Arquivo ² File	Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos ¹ Covariance components and genetic parameters					
	$S_{ad\ p240}^2$	$S_{ad\ p550}^2$	$S_{ad\ p240_p550}$	$h_{ad\ p240}^2$	$h_{ad\ p550}^2$	$r_{ad\ p240_p550}$
	Modelo com a idade do animal no dia da pesagem como covariável Model with animal age at weighing as covariate					
SP_SA	238	402	268	0,29	0,29	0,87
SP_CA	209	354	229	0,36	0,33	0,84
CP_SA	225	431	269	0,27	0,30	0,86
CP_CA	215	371	230	0,35	0,33	0,81
	Modelo sem a idade do animal no dia da pesagem como covariável Model without animal age at weighing as covariate					
SP_SA	237	378	257	0,29	0,26	0,86
SP_CA	196	333	214	0,34	0,30	0,84
CP_SA	246	464	295	0,29	0,32	0,87
CP_CA	260	480	299	0,41	0,42	0,85

¹ $S_{ad\ p240}^2$, $S_{ad\ p550}^2$, $S_{ad\ p240_p550}$, $h_{ad\ p240}^2$, $h_{ad\ p550}^2$ e $r_{ad\ p240_p550}$ representam a variância genética para o P240 e P550, a covariância genética entre P240 e P550, a herdabilidade de P240 e P550 e a correlação genética entre P240 e P550, respectivamente.

² SP_SA = arquivo com os pesos reais de todos os animais; SP_CA = arquivo com os pesos reais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero; CP_SA = arquivo com os pesos padronizados de todos os animais; e CP_CA = arquivo com os pesos padronizados dos animais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero.

¹ $S_{ad\ p240}^2$, $S_{ad\ p550}^2$, $S_{ad\ p240_p550}$, $h_{ad\ p240}^2$, $h_{ad\ p550}^2$ and $r_{ad\ p240_p550}$ are the genetic variance of P240 and P550, the genetic covariance between P240 and P550, the heritability of P240 and P550, and the genetic correlation between P240 and P550, respectively.

² SP_SA = file with observed weights of all animals; SP_CA = file with observed weights, with skewness and kurtosis near zero; CP_SA = file with adjusted weights of all animals; and CP_CA = file with adjusted weights, with skewness and kurtosis near zero.

REML para estimação dos componentes de (co)variância, a análise do arquivo contendo os pesos reais dos animais cuja distribuição dos dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero (SP_CA) foi a que forneceu as estimativas de (co)variância aditiva direta, herdabilidades e correlação mais próximas das obtidas quando foram estudados os pesos padronizados no arquivo em que os pesos de animais que estavam provocando distorção na curva de distribuição dos dados foram eliminados (CP_CA). É importante ressaltar que, nesses dois arquivos analisados, a padronização não provocou alteração significativa na média do peso à desmama nem no desvio-padrão e, mesmo existindo diferença significativa entre as médias reais e padronizadas do peso aos 18 meses, essa diferença foi inferior a 0,5% (Tabela 1), o que justifica a pequena variação nos componentes de (co)variância.

Quando comparadas as estimativas de (co)variâncias aditivas e parâmetros genéticos obtidas nas análises do arquivo CP_CA às obtidas nas análises dos arquivos CP_SA e SP_SA, observou-se que as análises dos dois últimos forneceram estimativas de (co)variâncias aditivas superiores, porém, em virtude da maior variância residual, as herdabilidades foram inferiores às estimadas para o arquivo

CP_CA. Este resultado corrobora os obtidos por Fonseca et al. (1999), que sugeriram que, quando a metodologia REML é utilizada para a estimação de componentes de (co)variância mas os resíduos não seguem distribuição normal, podem surgir desvios nas estimativas, contribuindo para o aumento na variância do erro de predição e diminuição dos ganhos genéticos. Dessa forma, a utilização de todos os dados disponíveis, sem a preocupação de excluir os dados que provocam distorções na distribuição dos resíduos, tenderia à escolha de indivíduos que não são geneticamente superiores e a prejuízos no progresso genético.

Ressalta-se que o teste de Kolmogorov-Smirnov (SAS, 2000) forneceu evidências de que a hipótese de que os resíduos seguem distribuição normal deve ser rejeitada, todavia, o procedimento de trabalhar com conjuntos de dados com coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero tende a amenizar a situação de não-normalidade dos resíduos.

Quando a idade do animal no momento da pesagem não foi incluída no modelo, a análise do arquivo CP_CA forneceu as maiores estimativas de (co)variância aditiva direta e herdabilidades. Os componentes de (co)variância estimados nas análises dos arquivos CP_SA foram os mais próximos

dos obtidos para o arquivo CP_CA, exceto para a herdabilidade do P550. As variâncias residuais obtidas na análise do arquivo CP_SA foram 40% superiores às obtidas para o arquivo CP_CA. O incremento da variância residual obtido na análise do arquivo contendo todos os dados disponíveis pode ser um indicativo de que a utilização do mesmo modelo estatístico para análise dos dois arquivos pode não ser a melhor alternativa. Por outro lado, a exclusão dos dados dos animais com baixos, ou com altos pesos, também deve ser cuidadosa, pois esses animais podem, realmente, ser de baixo ou de alto potencial genético.

Ainda considerando o modelo sem a inclusão da idade do animal no momento da pesagem como covariável, os componentes de (co)variância e as herdabilidades estimados na análise do arquivo SP_CA foram pelo menos 25 e 17%, respectivamente, inferiores aos obtidos na análise do arquivo CP_CA e os componentes de (co)variância e herdabilidades estimados na análise do arquivo SP_SA foram pelo menos 9 e 29%, respectivamente, inferiores aos obtidos na análise do arquivo CP_CA. Estes resultados divergem dos obtidos por Garner et al. (1998), que, estudando os pesos à desmama e aos 18 meses em bovinos da raça Nelore, reais ou padronizados para 240 e 550 dias de idade, respectivamente, sem considerar a idade do animal no dia da pesagem como covariável, encontraram variâncias aditivas diretas e residuais superiores para os pesos reais em relação aos pesos padronizados, entretanto, a herdabilidade do peso à desmama foi superior para o peso padronizado e a herdabilidade do peso aos 18 meses de idade foi superior para o peso real.

Nas análises do arquivo CP_CA, a exclusão do modelo da idade do animal no dia da pesagem provocou aumentos superiores a 18% tanto nos componentes de (co)variância como nas herdabilidades e na correlação genética. Para o arquivo SP_CA, houve redução dos componentes de (co)variância e da herdabilidade (máximo 9%), enquanto, para os arquivos SP_SA e CP_SA, as variações foram de, no máximo, 10%. Estes resultados diferem dos obtidos por Pita & Albuquerque (2001), que não encontraram diferenças nos componentes de variância estimados para o ganho de peso médio diário de suínos quando a idade do animal no final do período experimental foi excluída do modelo. Todavia, considerando que a idade do animal no momento da pesagem influencia o ganho de peso diário (Teixeira & Albuquerque, 2003) e, conseqüentemente, o peso padronizado, a utilização desta covariável permitiria a comparação dos animais em igualdade de condições. Assim, acredita-se que, mesmo após a padronização do peso para determinada idade, é necessário incluir a idade do animal no momento da pesagem no modelo estatístico.

Na Tabela 3 são apresentadas as médias *a posteriori*, as modas e as medianas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para os pesos à desmama e aos 18 meses de idade obtidas por meio da inferência bayesiana.

Para os resultados obtidos utilizando-se a inferência bayesiana e o modelo com a idade do animal no dia da pesagem como covariável (efeito linear), as maiores médias *a posteriori* para os componentes de (co)variância e as herdabilidades foram obtidas na análise do arquivo CP_CA. As diferenças desses resultados com os encontrados na análise do arquivo SP_SA foram pequenas para os componentes de (co)variância (no máximo de 7%), mas, para as herdabilidades, foram maiores (24%), como conseqüência das maiores variâncias residuais obtidas na análise do arquivo SP_SA. A análise do arquivo SP_CA forneceu as menores médias *a posteriori* para os componentes de (co)variância (24% inferiores às obtidas na análise de CP_CA), no entanto, as diferenças para as herdabilidades foram menores (16 a 22%) em relação aos valores obtidos na análise do arquivo CP_CA. As diferenças entre as médias *a posteriori* para os componentes de (co)variância obtidas nas análises do arquivo CP_SA foram, em média, 10% e para as herdabilidades, 29% inferiores às obtidas na análise do arquivo CP_CA.

Quando a idade do animal não foi incluída como covariável no modelo, as médias *a posteriori* para os componentes de (co)variância obtidos nas análises dos arquivos CP_CA e SP_SA foram semelhantes, mas as herdabilidades foram distintas, sendo superiores nas análises do arquivo CP_CA (17% para P240 e 26% para P550). As médias *a posteriori* dos componentes de (co)variância e da herdabilidade de P240 obtidas nas análises dos arquivos SP_CA e CP_SA foram inferiores às encontradas nas análises dos arquivos CP_CA e SP_SA, sendo as médias *a posteriori* dos componentes de (co)variância obtidas na análise do arquivo SP_CA as menores.

Em todos os arquivos e modelos utilizados, as médias *a posteriori* foram superiores às estimativas obtidas por REML, exceto para as correlações genéticas, o que está de acordo com vários estudos da literatura utilizando dados de campo de bovinos (Magnabosco et al., 2001; Nobre et al., 2003a; Nobre et al., 2003b). Entretanto, com dados simulados, as médias *a posteriori* têm sido iguais às estimativas verificadas por REML (Van Tassell et al., 1995; Van Tassell & Van Vleck, 1996; Duangjinda et al., 2001). A conseqüência desse fato é que, quando os componentes de (co)variância são obtidos por REML (que, em geral, são inferiores aos obtidos por inferência bayesiana) e a seleção é baseada no BLUP, pode ocorrer tendência em atribuir maior importância

Tabela 3 - Médias *a posteriori* (MD), modas (MO) e medianas (ME) dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para os pesos à desmama (P240) e aos 18 meses de idade (P550), obtidas por meio da inferência bayesianaTable 3 - *A posteriori means (MD), mode (MO) and median (ME) of covariance components and genetic parameters for weaning weight (P240) and weight at 18 months of age (P550), obtained by Bayesian inference*

		Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos ¹ <i>Covariance components and genetic parameters¹</i>					
		$S_{ad\ p240}^2$	$S_{ad\ p550}^2$	$S_{ad\ p240_p550}$	$h_{ad\ p240}^2$	$h_{ad\ p550}^2$	$r_{ad\ p240_p550}$
Arquivo ² <i>File</i>		Modelo com a idade do animal no dia da pesagem como covariável <i>Model with animal age at weighing as covariate</i>					
SP_SA	MD	271	491	293	0,32	0,35	0,80
	MO	261	513	279	0,32	0,35	0,80
	ME	270	489	291	0,32	0,34	0,81
SP_CA	MD	221	405	231	0,37	0,36	0,77
	MO	222	402	213	0,38	0,36	0,77
	ME	219	402	231	0,37	0,36	0,78
CP_SA	MD	255	475	276	0,31	0,33	0,79
	MO	243	483	288	0,30	0,33	0,80
	ME	252	471	273	0,30	0,33	0,80
CP_CA	MD	286	530	305	0,44	0,46	0,78
	MO	285	528	288	0,42	0,44	0,79
	ME	285	525	303	0,44	0,46	0,79
		Modelo sem a idade do animal no dia da pesagem como covariável <i>Model without animal age at weighing as covariate</i>					
SP_SA	MD	283	497	304	0,33	0,34	0,81
	MO	267	471	282	0,33	0,34	0,82
	ME	279	492	300	0,33	0,33	0,82
SP_CA	MD	230	407	238	0,38	0,35	0,78
	MO	213	369	231	0,36	0,34	0,78
	ME	228	402	237	0,38	0,35	0,78
CP_SA	MD	246	474	273	0,29	0,33	0,80
	MO	231	462	249	0,28	0,32	0,81
	ME	243	471	270	0,29	0,33	0,80
CP_CA	MD	272	531	301	0,41	0,46	0,79
	MO	267	510	285	0,41	0,43	0,80
	ME	270	525	300	0,41	0,45	0,80

¹ $S_{ad\ p240}^2$, $S_{ad\ p550}^2$, $S_{ad\ p240_p550}$, $h_{ad\ p240}^2$, $h_{ad\ p550}^2$ e $r_{ad\ p240_p550}$ representam a variância genética para o P240 e P550, a covariância genética entre P240 e P550, a herdabilidade de P240 e P550 e a correlação genética entre P240 e P550, respectivamente.

² SP_SA = arquivo com os pesos reais de todos os animais; SP_CA = arquivo com os pesos reais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero; CP_SA = arquivo com os pesos padronizados de todos os animais; e CP_CA = arquivo com os pesos padronizados dos animais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero.

¹ $S_{ad\ p240}^2$, $S_{ad\ p550}^2$, $S_{ad\ p240_p550}$, $h_{ad\ p240}^2$, $h_{ad\ p550}^2$ and $r_{ad\ p240_p550}$ are the genetic variance of P240 and P550, the genetic covariance between P240 and P550, the heritability of P240 and P550, and the genetic correlation between P240 and P550, respectively.

² SP_SA = file with observed weights of all animals; SP_CA = file with observed weights, with skewness and kurtosis near zero; CP_SA = file with adjusted weights of all animals; and CP_CA = file with adjusted weights, with skewness and kurtosis near zero.

às informações dos parentes dos reprodutores (Carneiro et al., 2001), levando à seleção de reprodutores com maior número de filhos.

Na Tabela 4 são apresentados os intervalos de alta densidade (95%) para as médias *a posteriori* para os componentes de (co)variância e para os parâmetros genéticos dos pesos à desmama e aos 18 meses de idade. Houve sobreposição dos intervalos obtidos para as médias

a posteriori. Apesar das diferenças entre as médias *a posteriori* e as estimativas obtidas por REML, a maioria dos componentes de (co)variância estimados por REML manteve-se dentro desses intervalos de alta densidade para as médias *a posteriori*.

Neste aspecto, destaca-se uma vantagem da inferência bayesiana: permite que as inferências sobre os parâmetros em estudo sejam feitas com base nas distribuições

Tabela 4 - Limites mínimos (MIN) e máximos (MAX) dos intervalos de alta densidade para as médias *a posteriori* dos componentes de (co)variância e para os parâmetros genéticos dos pesos à desmama e aos 18 meses de idade, obtidos por meio da inferência bayesiana

Table 4 - Minimum (MIN) and maximum (MAX) limits of high density intervals for *a posteriori* means of the covariance components and genetic parameters for weights at weaning and 18 months of age, obtained by Bayesian inference

		Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos ¹ Covariance components and genetic parameters ¹					
		$S_{ad\ p240}^2$	$S_{ad\ p550}^2$	$S_{ad\ p240_p550}$	$h_{ad\ p240}^2$	$h_{ad\ p550}^2$	$r_{ad\ p240_p550}$
Arquivo ²		Modelo com a idade do animal no dia da pesagem como covariável					
File		Model with animal age at weighing as covariate					
SP_SA	MIN	186	342	192	0,23	0,24	0,70
	MAX	355	647	391	0,42	0,44	0,89
SP_CA	MIN	152	266	152	0,26	0,26	0,65
	MAX	288	537	316	0,47	0,48	0,88
CP_SA	MIN	176	330	186	0,22	0,24	0,68
	MAX	334	630	379	0,40	0,43	0,89
CP_CA	MIN	210	378	212	0,34	0,33	0,69
	MAX	361	696	396	0,55	0,58	0,87
		Modelo sem a idade do animal no dia da pesagem como covariável					
		Model without animal age at weighing as covariate					
SP_SA	MIN	197	333	207	0,23	0,23	0,71
	MAX	379	652	413	0,43	0,43	0,89
SP_CA	MIN	163	280	156	0,28	0,25	0,66
	MAX	301	554	327	0,49	0,46	0,88
CP_SA	MIN	177	325	182	0,21	0,23	0,68
	MAX	332	626	369	0,38	0,42	0,89
CP_CA	MIN	205	383	210	0,31	0,35	0,69
	MAX	354	683	390	0,52	0,57	0,88

¹ $S_{ad\ p240}^2$, $S_{ad\ p550}^2$, $S_{ad\ p240_p550}$, $h_{ad\ p240}^2$, $h_{ad\ p550}^2$ e $r_{ad\ p240_p550}$ representam a variância genética para o P240 e P550, a covariância genética entre P240 e P550, a herdabilidade de P240 e P550 e a correlação genética entre P240 e P550, respectivamente.

² SP_SA = arquivo com os pesos reais de todos os animais; SP_CA = arquivo com os pesos reais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero; CP_SA = arquivo com os pesos padronizados de todos os animais; e CP_CA = arquivo com os pesos padronizados dos animais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero.

¹ $S_{ad\ p240}^2$, $S_{ad\ p550}^2$, $S_{ad\ p240_p550}$, $h_{ad\ p240}^2$, $h_{ad\ p550}^2$ and $r_{ad\ p240_p550}$ are the genetic variance of P240 and P550, the genetic covariance between P240 and P550, the heritability of P240 and P550, and the genetic correlation between P240 and P550, respectively.

² SP_SA = file with observed weights of all animals; SP_CA = file with observed weights, with skewness and kurtosis near zero; CP_SA = file with adjusted weights of all animals; and CP_CA = file with adjusted weights, with skewness and kurtosis near zero.

a posteriori, e não em um único valor, como na Máxima Verossimilhança Restrita (Patterson & Thompson, 1971; Van Tassell & Van Vleck, 1996).

Na Tabela 5 são apresentados os números de touros em comum de um total de 25 selecionados com base nos maiores valores genéticos direto para os pesos à desmama e aos 18 meses.

Do total de touros (25) selecionados com base nos maiores valores genéticos aditivos direto para os pesos à desmama e aos 18 meses, apesar de terem ocorrido alterações nas classificações de posto, houve concordância em pelo menos 22 animais (88%), para um mesmo arquivo de dados, quando as avaliações genéticas foram realizadas por meio da REML ou da inferência bayesiana. Conseqüentemente, se os valores genéticos verdadeiros dos touros também fossem diferentes, poderia existir diferença na resposta à seleção massal. Quando utiliza-se arquivos diferentes, mas uma única metodologia,

essas diferenças chegaram a 28% (18 animais em comum), como consequência dos componentes de (co)variância estimados, visto que, quanto mais semelhantes os componentes de (co)variância maior o número de animais selecionados em comum.

Na Tabela 6 são apresentados os números de vacas em comum de um total de 836 selecionadas com base nos maiores valores genéticos direto para os pesos à desmama e aos 18 meses.

Quando as avaliações foram conduzidas pela REML ou pela inferência bayesiana, pelo menos 96% (802 vacas) e 94% (790 vacas) dos animais foram selecionadas em comum, para um mesmo arquivo de dados, com base nos maiores valores genéticos aditivos direto para o peso à desmama e aos 18 meses, respectivamente, possivelmente em decorrência da menor intensidade de seleção para as vacas e da menor diferença entre o número de filhos de cada vaca, em relação aos touros.

Tabela 5 - Número de touros Canchim em comum, selecionados com base nos maiores valores genéticos direto para o peso à desmama e aos 18 meses de idade¹

Table 5 - Number of common Canchim bulls selected on the high-ranking breeding values for weaning weight and weight at 18 months of age

Arquivo ² File	Modelo estatístico Statistical model							
	Com idade como covariável With age as covariate				Sem idade como covariável Without age as covariate			
	SP_SA	SP_CA	CP_SA	CP_CA	SP_SA	SP_CA	CP_SA	CP_CA
	Peso à desmama Weaning weight							
SP_SA_CC	23	21	24	20	23	20	22	19
SP_CA_CC	21	24	21	22	20	22	20	22
CP_SA_CC	23	20	22	20	22	20	23	19
CP_CA_CC	22	23	21	24	19	21	21	23
SP_SA_SC	23	20	21	20	24	19	20	18
SP_CA_SC	21	22	20	22	21	23	19	20
CP_SA_SC	22	21	23	22	20	19	23	20
CP_CA_SC	20	22	19	23	18	20	20	24
	Peso aos 18 meses de idade Weight at 18 months of age							
SP_SA_CC	23	20	23	21	23	21	23	21
SP_CA_CC	20	23	18	22	20	23	18	22
CP_SA_CC	24	20	24	19	23	19	25	19
CP_CA_CC	19	21	19	22	19	20	19	25
SP_SA_SC	22	19	22	18	22	21	23	19
SP_CA_SC	19	21	19	21	19	22	19	20
CP_SA_SC	24	20	25	19	22	19	24	19
CP_CA_SC	20	22	20	23	19	21	20	22

¹ Na diagonal = utilizando a REML ou a IB, para um mesmo arquivo. Acima da diagonal = utilizando a IB, para arquivos diferentes. Abaixo da diagonal = utilizando a REML, para arquivos diferentes.

² SP_SA = arquivo com os pesos reais de todos os animais; SP_CA = arquivo com os pesos reais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero; CP_SA = arquivo com os pesos padronizados de todos os animais; e CP_CA = arquivo com os pesos padronizados dos animais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero. CC = modelo utilizando a idade do animal como covariável e SC = modelo sem a idade do animal como covariável.

¹ On diagonal = using REML or BI, to the same file. Above diagonal = using BI, to different files. Below diagonal = using REML, to different files.

² SP_SA = file with observed weights of all animals; SP_CA = file with observed weights, with skewness and kurtosis near zero; CP_SA = file with adjusted weights of all animals; and CP_CA = file with adjusted weights, with skewness and kurtosis near zero. CC = model with age at weighing as a covariate, and SC = model without age at weighing as a covariate.

Constam na Tabela 7 os ganhos genéticos esperados por geração para os pesos à desmama e aos 18 meses de idade, considerando-se a seleção de 10% dos machos e de 50% das fêmeas e utilizando-se os componentes de variância obtidos por meio dos métodos da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e da inferência bayesiana (IB).

Verificou-se (Tabela 7) que, apesar de os percentuais de touros e de vacas hipoteticamente selecionados em comum pela utilização das duas metodologias terem sido de 88% e de aproximadamente 95%, respectivamente, as diferenças no ganho genético esperado por geração variaram de 0 a 29% para o peso à desmama e de 2 a 41% para o peso aos 18 meses de idade, dependendo do arquivo analisado

e do modelo adotado, corroborando a possibilidade de diferentes respostas à seleção.

Conclusões

No caso da avaliação de características de crescimento de bovinos da raça Canchim, como o peso, os resultados serão mais adequados se todos os animais forem comparados em mesma idade-padrão. Todavia, os efeitos que influenciam esta padronização ainda devem ser considerados.

A utilização de diferentes metodologias para a avaliação genética animal, utilizando dados de campo, leva

Tabela 6 - Número de vacas Canchim em comum, selecionadas com base nos maiores valores genéticos direto para o peso à desmama e aos 18 meses de idade¹

Table 6 - Number of common Canchim cows, selected on the high-ranking breeding values for weaning weight and weight at 18 months of age

Arquivo ² File	Modelo estatístico Statistical model							
	Com idade como covariável With age as covariate				Sem idade como covariável Without age as covariate			
	SP_SA	SP_CA	CP_SA	CP_CA	SP_SA	SP_CA	CP_SA	CP_CA
	Peso à desmama (Weaning weight)							
SP_SA_CC	815	761	819	772	813	759	813	771
SP_CA_CC	755	819	759	796	761	816	759	785
CP_SA_CC	818	753	813	768	804	757	819	767
CP_CA_CC	767	792	767	802	767	794	771	809
SP_SA_SC	811	754	803	759	813	762	792	759
SP_CA_SC	756	812	755	791	758	809	755	776
CP_SA_SC	812	758	817	771	796	757	818	775
CP_CA_SC	762	784	762	798	752	771	771	826
	Peso aos 18 meses de idade (Weight at 18 months of age)							
SP_SA_CC	800	775	817	782	812	766	810	777
SP_CA_CC	779	803	769	795	771	813	765	789
CP_SA_CC	820	773	805	784	804	762	822	781
CP_CA_CC	783	799	783	790	779	785	781	815
SP_SA_SC	810	776	802	774	805	775	807	775
SP_CA_SC	771	812	764	792	776	807	760	778
CP_SA_SC	816	773	817	779	802	762	814	785
CP_CA_SC	779	791	779	806	773	779	781	804

¹ Na diagonal = utilizando a REML ou a IB, para um mesmo arquivo. Acima da diagonal = utilizando a IB, para arquivos diferentes. Abaixo da diagonal = utilizando a REML, para arquivos diferentes.

² SP_SA = arquivo com os pesos reais de todos os animais; SP_CA = arquivo com os pesos reais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero; CP_SA = arquivo com os pesos padronizados de todos os animais; e CP_CA = arquivo com os pesos padronizados dos animais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero. CC = modelo utilizando a idade do animal como covariável e SC = modelo sem a idade do animal como covariável.

¹ On diagonal = using REML or BI, to the same file. Above diagonal = using BI, to different files. Below diagonal = using REML, to different files.

² SP_SA = file with observed weights of all animals; SP_CA = file with observed weights, with skewness and kurtosis near zero; CP_SA = file with adjusted weights of all animals; and CP_CA = file with adjusted weights, with skewness and kurtosis near zero. CC = model with age at weighing as a covariate, and SC = model without age at weighing as a covariate.

Tabela 7 - Ganhos genéticos esperados por geração (kg) para os pesos à desmama e aos 18 meses de idade, considerando-se a seleção de 10% dos machos e de 50% das fêmeas com base nos maiores valores genéticos diretos

Table 7 - Expected genetic gains by generation (kg) for weaning weight and weight at 18 months of age, from selection of the 10% males and the 50% females based on their respective high-ranking breeding values

Método ² Method ²	Modelo estatístico Statistical model							
	Com idade como covariável With age as covariate				Sem idade como covariável Without age as covariate			
	SP_SA	SP_CA	CP_SA	CP_CA	SP_SA	SP_CA	CP_SA	CP_CA
	Arquivo ¹ File							
	Peso à desmama (Weaning weight)							
REML	10,63	11,10	9,98	11,10	10,61	10,45	10,81	13,21
IB (BI)	11,92	11,57	11,38	14,36	12,37	11,97	10,81	13,52
	Peso aos 18 meses de idade (Weight at 18 months of age)							
REML	13,82	13,83	14,55	14,16	12,69	12,79	15,60	18,18
IB (BI)	16,78	15,46	16,03	19,98	16,64	15,28	16,01	20,01

¹ SP_SA = arquivo com os pesos reais de todos os animais; SP_CA = arquivo com os pesos reais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero; CP_SA = arquivo com os pesos padronizados de todos os animais; e CP_CA = arquivo com os pesos padronizados dos animais cujo conjunto de dados apresentava coeficientes de assimetria e curtose próximos de zero.

² REML = Máxima Verossimilhança Restrita; IB = inferência bayesiana.

¹ SP_SA = file with observed weights of all animals; SP_CA = file with observed weights, with skewness and kurtosis near zero; CP_SA = file with adjusted weights of all animals; and CP_CA = file with adjusted weights, with skewness and kurtosis near zero.

² REML = Restricted Maximum Likelihood; BI = bayesian inference.

à identificação de diferentes animais como sendo geneticamente superiores. Dessa forma, podem ocorrer diferenças quanto ao progresso genético obtido nos rebanhos.

Literatura Citada

- ABCCAN-Embrapa-Genepplus. [2002]. **Sumário de touros Canchim e MA. Edição Primavera/2002**. Campo Grande: Genepplus Consultoria Agropecuária LTDA. Disponível em: <<http://www.canchim.com.br/dep.htm#item7>> Acesso em: 15/06/2003.
- ALVES, R.G.O.; SILVA, L.O.C.; EUCLIDES FILHO, K. et al. Disseminação do melhoramento genético em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1219-1225, 1999.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; Van VLECK, L.D. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1993. 120p.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, n.8, p.2023-2046, 2001.
- CARNEIRO, A.P.S.; TORRES, R.A.; EUCLYDES, R.F. et al. Efeito da conectividade de dados sobre o valor fenotípico médio e a variância genética aditiva. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.2, p.336-341, 2001.
- DUANGJINDA, M.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. et al. The empirical bias of estimates by restricted maximum likelihood, bayesian method, and method R under selection for additive, maternal, and dominance models. **Journal of Animal Science**, v.79, n.12, p.2991-2996, 2001.
- FONSECA, R.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Efeito da violação de pressuposições da metodologia de modelos mistos na avaliação genética animal. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., 1999, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: SBZ/Videolar, [1999]. (CD-ROM) – Melhoramento Animal.
- GARNERO, A.V.; LÔBO, R.B.; BORJAS, A.R. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998, Botucatu. **Anais...** Botucatu: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1998. p.434-436.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. (Eds.) **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, D.C.: NAS-NRC, 1963. p.141-153.
- MAGNABOSCO, C.U.; FARIA, C.U.; BORJAS, A.R. et al. **Implementação da amostragem de Gibbs para estimação de componentes de co-variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2001. 48p.
- MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F. et al. Influência de fatores de meio sobre pesos de animais da raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.5, p.853-865, 1996.
- MELLO, S.P.; ALENCAR M.M.; SILVA, L.O.C. et al. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.
- NOBRE, P.R.C.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by bayesian method via Gibbs sampling. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.4, p.480-490, 2003a.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, n.4, p.918-926, 2003b.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery on inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, n.3, p.545-554, 1971.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ - Editora, 2004. 609p.
- PITA, F.V.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos da utilização de diferentes covariáveis na avaliação do ganho de peso médio diário em suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.736-743, 2001.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM - SAS. **SAS user's guide**. Version 8.2. Cary: 2000. (CD-ROM).
- TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos ambientais que afetam o ganho de peso pré-desmama em animais Angus, Hereford, Nelore e mestiços Angus-Nelore e Hereford-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.887-890, 2003.
- Van TASSELL, C.P.; CASELLA, G.; POLLAK, E.J. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, v.78, n.3, p.678-692, 1995.
- Van TASSELL, C.P.; Van VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance components estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 86p.
- Van TASSELL, C.P.; Van VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, n.11, p.2586-2597, 1996.

Recebido: 29/11/04
Aprovado: 04/07/06