

Uso de modelos lineares mistos na avaliação genética de escores visuais: estudo de simulação

[Using linear mixed models in genetic evaluation of visual scores: simulation study]

L.O. Duitama¹, M.M. Farah¹, A.T.H. Utsunomiya¹, R.K. Ono¹, M.P. Pires¹, R. Fonseca²

¹Universidade Estadual Paulista – Unesp – Jaboticabal, SP

²Universidade Estadual Paulista – Unesp – Dracena, SP

RESUMO

Objetivou-se avaliar a aplicação da metodologia de modelos lineares mistos em características de escores visuais por meio de simulação, considerando-se duas estruturas populacionais (com e sem seleção), dois níveis de herdabilidade (0,1 e 0,4) e quatro níveis de conectabilidade (8, 20, 38 e 60%). As populações com e sem seleção estavam constituídas por 6660 e 3360 animais, respectivamente, dos quais os últimos 2460 animais tinham fenótipo para o escore visual. Assumiu-se uma variável contínua adjacente ao escore visual, a partir da qual foram definidos os intervalos correspondentes a cada categoria de escore visual. O processo de simulação foi feito por meio do *software* R, e a estimação de parâmetros e predição de valores genéticos pelo *software* Wombat, sob modelo animal, considerando-se modelos com e sem efeitos fixos. Os critérios de avaliação foram: o erro quadrático médio (EQM) para a herdabilidade e as correlações de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos. As estimativas da herdabilidade apresentaram-se próximas do valor verdadeiro nos cenários sem seleção (0,084-0,101 e 0,367-0,389), no entanto este resultado não ocorreu quando houve seleção, pois a herdabilidade apresentou-se subestimada (0,032 e 0,278). As correlações apresentaram-se maiores nos cenários sem seleção e com herdabilidade de 0,4 (0,86-0,89). Em todos os cenários simulados, a inclusão do efeito fixo no modelo melhorou as estimativas de herdabilidade e as correlações entre os valores genéticos verdadeiros e preditos. O nível de conectabilidade afetou a correção dos efeitos fixos feita pela atribuição dos escores. Em conclusão, a metodologia dos modelos lineares mistos pode ser utilizada na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos de escores visuais em populações sem seleção, entretanto não se apresenta adequada em populações sob seleção.

Palavras-chave: gado de corte, parâmetros genéticos, *software* R

ABSTRACT

This study aimed to evaluate the application of linear mixed models methodology using simulated data for trait visual scores, two population structures (with and without selection), two levels of heritability (0.1 and 0.4) and four levels of connectivity (8, 20, 38 and 60%) were examined. Populations with and without selection consisted of 6,660 and 3,360 animals respectively, of which, the last in 2460 had score visual phenotypes. The scores were simulated with an underlying normal distribution from which intervals were defined corresponding to each category of the visual scores. The simulation process was performed in software R, to estimate genetic parameters and predict breeding values through software Wombat using animal model, considering models with and without fixed effects. The evaluation criteria were: the mean squared error (EQM) for heritability and Spearman correlations between true and predicted breeding values. Estimates of heritability showed close to the true value in scenarios without selection (0.084-0.101 and 0.367-0.389), however when selection was applied heritability was underestimated (0.032 and 0.278). Consistent with heritability, the correlations were higher for the scenarios without selection and with heritability of 0.4 (0.86-0.89). In all scenarios simulated the inclusion of fixed effects in the model improved the estimates of heritability and correlations between true and predicted breeding values. The level of connectivity affected the correction of fixed effects done by allocating visual scores. The linear mixed model methodology can be used in the estimation of genetic parameters and predicted breeding values for visual scores in populations without selection, however, is not suiting in populations under selection.

Keywords: beef cattle, genetic parameters, software R

Recebido em 27 de outubro de 2012

Aceito em 14 de dezembro de 2013

E-mail: lorlando82@hotmail.com

INTRODUÇÃO

Os escores visuais avaliam características morfológicas por meio da apreciação visual, com o objetivo de identificar biótipos mais produtivos e animais com melhor conformação de carcaça no momento do abate. Essas características têm condições especiais: são variáveis categóricas, com número de níveis que variam dependendo da metodologia empregada e são relativos ao biótipo médio do grupo de animais a ser avaliado, como descrito por Koury Filho e Albuquerque (2002).

Na literatura, encontram-se trabalhos que objetivaram estabelecer o melhor modelo e metodologia para a estimação dos parâmetros genéticos nas características de escores visuais. Faria *et al.* (2008) compararam as estimativas de parâmetros genéticos para escores visuais com estimação bayesiana usando modelos linear e de limiar e concluíram que os dois modelos são adequados, uma vez que ambos produziram estimativas semelhantes. Van Melis *et al.* (2003) compararam os métodos \mathcal{R} e de máxima verossimilhança restrita (REML), sob modelo linear, para a estimação de parâmetros genéticos de escores visuais, e chegaram à conclusão de que os dois métodos podem ser empregados.

A grande maioria dos trabalhos que estimam parâmetros genéticos para as características de escores visuais usa modelo linear com estimação de máxima verossimilhança restrita, pela facilidade de aplicação e pelo menor tempo de processamento, quando comparado com modelos de limiar (Jorge Júnior *et al.*, 2001; Araújo *et al.*, 2010; Toral *et al.*, 2011).

Trabalhos que avaliam a aplicação de modelos mistos para características categóricas já foram realizados por Meijering e Gianola (1985); Abdel-Azim e Berger (1999), nos quais a atribuição dos valores categóricos foi realizada com base em uma referência absoluta, como é feito para as características lineares de tipo em gado leiteiro, em que os escores são atribuídos com referência a um biótipo ideal. Já para as metodologias de escores visuais, a atribuição é feita usando-se uma referência relativa, determinada pelo biótipo médio do grupo de animais a ser avaliado, de acordo com o seguinte procedimento: o grupo de animais avaliado deve

ser composto por animais do mesmo sexo, da mesma época de nascimento e submetidos às mesmas condições de alimentação e manejo (animais sob a influência dos mesmos efeitos ambientais); em seguida, é visualizado o perfil médio do grupo para o escore avaliado, o qual servirá como referência para a atribuição dos escores dentro do grupo. A metodologia exige que, dentro do grupo avaliado, existam todos os níveis do escore.

Desta forma, os escores são relativos ao grupo de animais avaliado, e, de acordo com Koury Filho e Albuquerque (2002), indivíduos com o mesmo escore, mas pertencentes a grupos de avaliação distintos, não são fenotipicamente comparáveis, o que pode ser feito para características lineares de tipo, avaliadas em gado leiteiro, as quais usam como referência um biótipo ideal (Esteves *et al.*, 2004; Zink *et al.*, 2011).

Em razão do processo de atribuição relativa, é possível que a estimação dos efeitos fixos por meio da metodologia de modelos lineares mistos seja mais complexa, uma vez que animais provenientes de diferentes grupos não são comparáveis fenotipicamente e as médias dos grupos contemporâneos são muito próximas, gerando possíveis fontes de erro nas estimativas dos parâmetros e da predição de valores genéticos. Desta forma, a conectabilidade entre grupos contemporâneos pode ser importante para a qualidade das estimativas dos efeitos fixos, porque permite que animais de diferentes grupos contemporâneos possam ser comparados (Kennedy e Trus, 1993; Kuehn *et al.*, 2007), o que aumenta a acurácia das predições dos valores genéticos e evita alterações no ordenamento dos indivíduos para fins de seleção.

Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar, por meio de dados simulados, o uso de modelos lineares mistos em características de escores visuais, considerando-se cenários com e sem seleção, dois níveis de herdabilidade e quatro níveis de conectabilidade.

MATERIAL E MÉTODOS

No processo de simulação, foram definidas duas estruturas de população, uma considerada em equilíbrio de Hardy-Weinberg e outra sob efeitos de seleção. A primeira foi construída a partir de uma geração zero (G0), com 60 touros e 660

fêmeas com ancestrais desconhecidos. Estes animais foram acasalados aleatoriamente para a obtenção da geração um (G1); cada fêmea teve dois filhos, totalizando 1320 animais na G1. Destes, foram escolhidas 660 fêmeas para serem acasaladas com os touros da G0 a fim de se obter a geração dois (G2), com a restrição de que os pais não podiam se acasalar com as filhas; o total de animais no *pedigree* foi de 3360, e o total de filhos por touro foi de 44. A população sob seleção foi formada com base na população sem seleção, da qual foram selecionados os melhores 60 machos para serem acasalados com 660 fêmeas, escolhidas da geração anterior de forma aleatória, evitando-se que os pais fossem acasalados com as filhas. A seleção foi feita sobre os machos e mantida por cinco gerações. Usou-se como critério de seleção o valor genético simulado, e foi obtido um total de 6660 animais no *pedigree*; o total de filhos por touro variou de 8 até 95.

O valor fenotípico do escore visual foi simulado para os últimos 2640 animais de cada estrutura populacional e foi definido com seis níveis, em que os valores 1 e 6 representam o mínimo e o máximo da expressão da característica, respectivamente. Para a simulação dos fenótipos, foi considerada uma característica contínua com distribuição normal adjacente à característica discreta do escore visual. Os valores fenotípicos para a característica contínua foram modelados como:

$$y_{ij} = \mu + f_j + a_i + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} = valor fenotípico da característica contínua, para o *i*-ésimo animal, dentro do *j*-ésimo grupo contemporâneo;

μ = média da população (igual a zero);

f_j = efeito fixo do *j*-ésimo grupo contemporâneo;

a_i = valor genético aditivo do *i*-ésimo animal;

e_{ij} = efeito aleatório residual do *i*-ésimo animal pertencente ao *j*-ésimo grupo.

O efeito fixo de grupo contemporâneo foi gerado com base em uma distribuição normal, com média zero e variância *k*, em que *k* corresponde a uma fração arbitrária da variância fenotípica, neste caso $k=0,1$. O número de grupos contemporâneos foi de 48, com 55 animais cada um, os quais foram distribuídos nos 2640 animais com fenótipo.

Os valores genéticos aditivos dos animais na G0 foram simulados por meio de uma distribuição normal com média zero e variância 0,4, e nas gerações posteriores foram simulados da seguinte forma: $a_i = \frac{1}{2} a_{si} + \frac{1}{2} a_{di} + \Phi$, em que a_{si} e a_{di} são os valores genéticos aditivos do pai e da mãe do *i*-ésimo animal, respectivamente, e Φ é o valor correspondente à segregação mendeliana, gerado a partir de uma distribuição normal com média zero e variância dada pela expressão: $\sigma_{\Phi}^2 = \left[\frac{1}{2} - \frac{1}{4} (F_{si} + F_{di}) \right] \sigma_a^2$, em que F_{si} e F_{di} são os coeficientes de endogamia do pai e da mãe do *i*-ésimo animal, respectivamente, e σ_a^2 é a variância genética aditiva fixada em 0,4.

Os valores do resíduo foram amostrados de uma distribuição normal com média zero e variância dada pela expressão: $\sigma_e^2 = \sigma_a^2 \left(\frac{1}{h^2} - 1 \right)$, em que h^2 é o valor de herdabilidade.

Para gerar os valores fenotípicos do escore visual, assumiu-se que a característica contínua segue uma distribuição normal dentro de cada grupo contemporâneo (equivalente ao grupo de animais avaliado), a qual foi dividida em seis intervalos, cada um associado a um escore, como indicado na Tab. 1. Desta forma, a atribuição dos escores foi relativa ao grupo de animais avaliado, o que garantiu a existência de todos os escores (1 até 6) dentro de cada grupo e simulou a metodologia empregada pelos avaliadores (Koury Filho e Albuquerque, 2002). Os limites dos intervalos foram definidos empiricamente, de forma que a distribuição dos escores simulados se assemelhasse à distribuição observada nos dados reais.

Tabela 1. Intervalos da distribuição normal associados às categorias do escore visual

Intervalo ¹		Escore	
	$Y_{ij} < -1,6\sigma_p$	-1,6 σ_p	1
-1,6 σ_p	$\leq Y_{ij} < -0,8\sigma_p$	-0,8 σ_p	2
-0,8 σ_p	$\leq Y_{ij} < 0\sigma_p$	0 σ_p	3
0 σ_p	$\leq Y_{ij} < 0,8\sigma_p$	0,8 σ_p	4
0,8 σ_p	$\leq Y_{ij} < 1,6\sigma_p$	1,6 σ_p	5
	$Y_{ij} \geq 1,6\sigma_p$	1,6 σ_p	6

¹ σ_p , desvio padrão fenotípico; Y_{ij} , valor fenotípico da característica contínua.

A conectabilidade é um fator que influencia a qualidade das estimativas nas avaliações genéticas e pode ser medida por meio de vários índices, como mostrado por Fouilloux *et al.* (2008). No entanto, neste estudo, foi considerada como a porcentagem média de grupos contemporâneos nos quais os touros tinham filhos. Foram simulados quatro níveis de conectabilidade: touros com filhos em 8, 20, 38 e 60% dos grupos contemporâneos. A conectabilidade só foi implementada nos

cenários sem seleção, uma vez que a implementação em cenários com seleção é mais complexa.

Na Tab. 2, são apresentados os cenários simulados, considerando-se os dois níveis de herdabilidade (0,1 e 0,4), os quatro níveis de conectabilidade (8, 20, 38 e 60%) e as duas estruturas populacionais (com e sem seleção). Cada cenário simulado foi repetido 50 vezes para obter resultados mais precisos.

Tabela 2. Cenários simulados de acordo com o valor de herdabilidade (h^2), conectabilidade entre grupos contemporâneos e presença ou ausência de seleção, para a característica de escore visual

Herdabilidade 0,1			Herdabilidade 0,4		
Cenário	Seleção	% C ¹	Cenário	Seleção	% C ¹
1	Não	8	6	Não	8
2	Não	20	7	Não	20
3	Não	38	8	Não	38
4	Não	60	9	Não	60
5	Sim	--	10	Sim	--

¹ Porcentagem de conectabilidade.

O processo de simulação das populações foi feito com o *software* R (R Development Core Team, 2010). A estimação dos parâmetros e da predição dos valores genéticos foi feita por meio de máxima verossimilhança restrita (REML), sob modelo animal, utilizando-se o *software* Wombat (Meyer, 2006).

O modelo usado pode ser representado em forma matricial como:

$$Y = X\beta + Za + e,$$

em que: Y = vetor das observações do escore visual; X = matriz de incidência associada aos efeitos fixos; β = vetor de solução para os efeitos fixos; Z = matriz de incidência associada ao efeito genético aditivo; a = vetor de soluções para o efeito aleatório genético aditivo; e = vetor dos resíduos. Como efeito fixo, foi considerado o efeito de grupo contemporâneo simulado.

Para avaliar a qualidade das estimativas e predições da metodologia de modelos lineares mistos, foram usados os seguintes critérios:

- erro quadrático médio (EQM), para comparar as estimativas de herdabilidade obtidas com o valor verdadeiro. Segundo Casella e Berger (2001), o EQM é uma função que mede a diferença do quadrado médio entre o estimador (\hat{h}_i^2) e o valor verdadeiro (h^2). O EQM foi definido da seguinte forma:

$$EQM = \frac{1}{N} * \left[\sum_{i=1}^N \frac{(\hat{h}_i^2 - h^2)^2}{h^2} \right],$$

em que N é o número de repetições em cada cenário, neste caso 50;

- correlações de Spearman, entre os valores genéticos verdadeiros e preditos pelo *software* Wombat, para os touros com acurácia de predição maior do que 0,8.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A significância do efeito fixo de grupo contemporâneo foi testada por meio de uma análise de variância, para a característica do escore visual e a característica contínua adjacente ao escore. Os resultados mostraram que o efeito fixo foi significativo ($p < 0,05$ teste f) para a característica contínua adjacente ao escore, no entanto não foi significativo para o escore visual. Este resultado pode ser explicado pelo fato de que a atribuição dos escores com referência ao grupo de animais avaliado faz uma correção para os efeitos de grupo contemporâneo, o que permite que as médias fenotípicas do escore entre os grupos contemporâneos sejam semelhantes; por conseguinte, as diferenças são muito pequenas ou nulas. Assim, pode-se afirmar que o mesmo escore atribuído a dois indivíduos pertencentes a grupos diferentes é comparável, uma vez que o escore reflete o “desempenho”

esperado desses indivíduos se fossem criados sob as mesmas condições de ambiente, ainda que não sejam comparáveis fenotipicamente, como descrito por Koury Filho e Albuquerque (2002).

Em dados reais, a inclusão do efeito fixo de grupo contemporâneo dentro do modelo corrige para o efeito de usar diferentes avaliadores numa mesma população, pois é difícil que todos os avaliadores usem os mesmos critérios para atribuir os escores, por ser um processo subjetivo (Faria *et al.*, 2009; Koury Filho *et al.*, 2009/10). O fato de ter utilizado no processo de simulação um único critério na atribuição dos escores visuais não permitiu que existisse diferença significativa entre os grupos contemporâneos. Para corroborar a correção dos efeitos fixos feita no momento da atribuição dos escores visuais, foram considerados modelos com e sem a inclusão do efeito fixo para cada um dos cenários simulados.

As médias das estimativas de herdabilidade e erro quadrático médio (EQM) para os diferentes cenários estão apresentadas na Tab. 3. De forma geral, dentro de cada cenário, as estimativas de herdabilidade apresentaram-se menores para os modelos que não consideraram o efeito fixo,

quando comparados com aqueles que o consideraram. Dentro dos cenários sem seleção, a diferença aumentou à medida que o nível de conectabilidade diminuiu, sendo significativa para os cenários 1 e 6. Isto indica que a conectabilidade é um fator importante na correção dos efeitos fixos feita pelo escore visual no momento da atribuição, pois possibilita que a média dos valores genéticos entre os grupos contemporâneos seja mais próxima, diminuindo, assim, as diferenças genéticas entre os grupos, como pode ser observado na Fig. 1.

Nos cenários com seleção, a não inclusão do efeito fixo no modelo teve um efeito maior na diminuição das estimativas de herdabilidade (diferença significativa, Tab. 3), devido à maior variação existente entre as médias dos valores genéticos dos grupos contemporâneos (Fig. 1). Isto indica que as diferenças fenotípicas existentes entre grupos são devido a efeitos ambientais e genéticos, razão pela qual a correção dos efeitos fixos feita no momento da atribuição dos escores não é adequada, porque se assume que as diferenças são de origem ambiental e que a base genética de cada grupo é a mesma, o que não ocorre quando há seleção.

Tabela 3. Médias das estimativas de herdabilidade (\hat{h}^2) e do erro quadrático médio (EQM) para cada cenário simulado com ou sem a inclusão do efeito fixo no modelo

Cenário	Herdabilidade 0,1			Cenário	Herdabilidade 0,4		
	CEF ¹	\hat{h}^2	EQM		CEF ¹	\hat{h}^2	EQM
1	Sim	0,092a	0,0068 a	6	Sim	0,367 a	0,0089 a
	Não	0,059b	0,0212 b		Não	0,312 b	0,0254 b
2	Sim	0,101	0,0083	7	Sim	0,367	0,0087 a
	Não	0,087	0,0090		Não	0,345	0,0137 b
3	Sim	0,094	0,0090	8	Sim	0,389	0,0041
	Não	0,087	0,0099		Não	0,374	0,0054
4	Sim	0,084	0,0069	9	Sim	0,369	0,0073
	Não	0,081	0,0080		Não	0,360	0,0087
5	Sim	0,032a	0,0497 a	10	Sim	0,278a	0,0411 a
	Não	0,017b	0,0703 b		Não	0,140b	0,1711 b

¹Inclusão efeito fixo no modelo. Médias com diferente letra por coluna e no mesmo cenário, indica diferença ($\alpha=0,05$; teste t).

De forma geral, à medida que a base genética dos grupos de animais avaliados é mais próxima, a correção dos efeitos fixos no momento da atribuição dos escores é mais acurada, e as

diferenças fenotípicas observadas entre os grupos são atribuídas a fatores ambientais.

A inclusão do efeito fixo de grupo contemporâneo nos modelos parece corrigir

parcialmente para as diferenças de base genética existente entre os grupos de animais avaliados, quando estas são pequenas. Porém, não é suficiente nos casos em que a população encontra-se sob seleção, porque, ao longo das

gerações, a média do valor genético dos animais aumenta, apresentando-se maior variabilidade nas médias dos valores genéticos dos grupos de animais avaliados (Fig. 1).

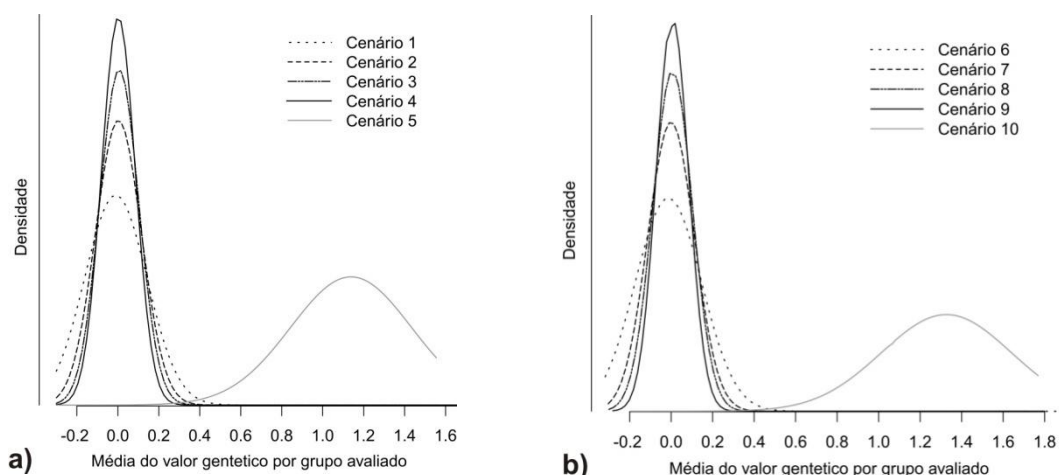


Figura 1. Distribuição da média dos valores genéticos dos grupos de animais avaliados, para cada cenário simulado. a) Herdabilidade de 0,1 e b) Herdabilidade de 0,4.

Nos cenários sem seleção, as estimativas de herdabilidade apresentaram-se próximas ao valor verdadeiro, porém com subestimação, que foi aumentando à medida que a herdabilidade verdadeira diminuía. Isto possivelmente é decorrente da utilização do modelo inadequado, uma vez que a característica de escore visual é de natureza categórica e não contínua, devendo-se utilizar um modelo de limiar; resultados semelhantes foram encontrados por Meijering e Gianola (1985), que avaliaram características categóricas sob modelo linear, considerando-se vários níveis de herdabilidade.

O EQM entre modelos com e sem a inclusão do efeito fixo, dentro de cada cenário, foi semelhante na ausência de seleção e com altos níveis de conectabilidade, o que não ocorreu nos cenários com seleção e baixa conectabilidade, resultado que mostra que a inclusão do efeito fixo melhora a estimação. Os cenários com seleção e baixa conectabilidade mostraram valores maiores para o EQM, quando comparados com os outros cenários, indicando que, sob estas condições, a estimação é mais complexa.

As médias das correlações de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos para os

touros com acurácia maior que 0,8 são apresentadas na Tab. 4. De forma geral, as correlações dentro de cada cenário apresentaram-se superiores quando os modelos consideraram o efeito fixo de grupo contemporâneo, sendo que, nos cenários com seleção, a diferença foi estatisticamente significativa. O nível de conectabilidade não afetou estatisticamente a predição dos valores genéticos, no entanto existe uma tendência de correlações maiores quando a conectabilidade aumenta (Tab. 4).

Quando comparados os valores das correlações entre os cenários com e sem seleção, fica evidente que a metodologia de modelos lineares mistos tem dificuldade na predição dos valores genéticos em populações sob seleção, principalmente quando a herdabilidade é baixa e o modelo não considera o efeito fixo de grupo contemporâneo, o que causa alterações no ordenamento dos indivíduos selecionados e, conseqüentemente, diminui a resposta à seleção. Outro fator que influencia a qualidade das estimativas é o nível de herdabilidade da característica, uma vez que as correlações foram maiores nos cenários com herdabilidade de 0.4 (Tab. 4). Esta tendência também foi observada por Meijering e Gianola (1985).

Tabela 4. Médias das correlações de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos, para os touros com acurácia maior do que 0,8 em cada cenário simulado com ou sem a inclusão do efeito fixo no modelo

Herdabilidade 0,1			Herdabilidade 0,4		
Cenário	CEF ¹	Correlação	Cenário	CEF ¹	Correlação
1	Sim	0,67014	6	Sim	0,87993
	Não	0,66313		Não	0,85949
2	Sim	0,70603	7	Sim	0,88373
	Não	0,70567		Não	0,88381
3	Sim	0,70572	8	Sim	0,89141
	Não	0,70350		Não	0,89016
4	Sim	0,70384	9	Sim	0,89564
	Não	0,70319		Não	0,89527
5	Sim	0,46527a	10	Sim	0,80778 a
	Não	0,37412b		Não	0,61849 b

¹Correção efeito fixo no modelo. Médias com diferente letra por coluna e no mesmo cenário, indica diferença ($\alpha=0,05$; teste t).

CONCLUSÕES

A metodologia de modelos lineares mistos pode ser utilizada na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos para escores visuais em populações acasaladas ao acaso. No entanto, em populações sob seleção, a metodologia não se apresentou adequada, como consequência da existência de bases genéticas diferentes entre os grupos de animais avaliados.

AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, pelo apoio financeiro para o desenvolvimento desta pesquisa.

REFERÊNCIAS

ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. *J. Anim. Sci.*, v.77, p.582-590, 1999.

ARAÚJO, R.O.; RORATO, P.R.; WEBER, T. *et al.* Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls. *R. Bras. Zootec.*, v.39, p.2398-2408, 2010.

CASELLA, G.; BERGER, R.L. (Ed). *Statistical inference*. USA: Duxbury Press, 2001, 649p.

ESTEVES, A.M.; BERGMANN, J.A.; DURÃES, M.C. *et al.* Estudo dos efeitos de ambiente sobre as características lineares de tipo em rebanhos bovinos da raça Holandesa. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.56, p.522-528, 2004.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. *et al.* Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. *Pesq. agropec. bras.*, v.43, p.835-841, 2008.

FARIA, C.U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C.U. *et al.* Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nellore beef-cattle. *Genet. Mol. Biol.*, v.32, p.753-760, 2009.

FOUILLOUX, M.N.; CLÉMENT, V.; LALOË, D. Measuring connectedness among herds in mixed linear models: From theory to practice in large-sized genetic evaluations. *Genet. Sel. Evol.*, v.40, p.145-159, 2008.

JORGE JÚNIOR, J.; PITA, F.V.; FRIES, L.A. *et al.* Influência de alguns fatores de ambiente sobre os escores de conformação, precocidade e musculatura à desmama em um rebanho da raça Nelore. *Rev. Bras. Zootec.*, v.30, p.1697-1703, 2001.

KENNEDY, B.W.; TRUS, D. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J. Anim. Sci.*, v.71, p.2341-2352, 1993.

- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G. Proposta de metodologia para coleta de dados de escores visuais para programas de melhoramento. In: CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS, 5., 2002, Uberaba. *Anais...* Uberaba, 2002. p.264-266. (Resumo).
- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. *Rev. Bras. Zootec.*, v.38, p.2362-2367, 2009.
- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; FORNI, S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. *Rev. Bras. Zootec.*, v.39, p.1015-1022, 2010.
- KUEHN, L.A.; LEWIS, R.M.; NOTTER, D.R. Managing the risk of comparing estimated breeding values across flocks or herds through connectedness: a review and application. *Genet. Sel. Evol.*, v.39, p.225-247, 2007.
- MEIJERING, A.; GIANOLA, D. Linear versus nonlinear methods of sire evaluation for categorical traits: a simulation study. *Genet. Sel. Evol.*, v.17, p.115-132, 1985.
- MEYER, K. "WOMBAT" – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. *Anais...* Belo Horizonte, 2006. CD-ROM. (Resumo)
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. "R: A language and environment for statistical computing". R Foundation for Statistical Computing., Vienna, 2010. <http://www.r-project.org>.
- TORAL, F.L.; ROSO, V.M.; ARAÚJO, C.V.; REIS FILHO, J.C. Genetic parameters and response to selection for post-weaning weight gain, visual scores and carcass traits in Hereford and Hereford×Nelore cattle. *Livest. Sci.*, v.137, p.231-237, 2011.
- VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.; FERRAZ, J.B. Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e R. *Rev. Bras. Zootec.*, v.32, p.1624-1632, 2003.
- ZINK, V.; ŠTÍPKOVÁ, M.; LASSEN, J. Genetic parameters for female fertility, locomotion, body condition score, and lineartype traits in Czech Holstein cattle. *J. Dairy, Sci.*, v.94, p.5176-5182, 2011.