

Estimativas de Componentes de Variância e de Parâmetros Genéticos para Características de Reprodução por Intermédio de Modelos Lineares e de Limiar

Wandrick Hauss de Sousa², Carmen Silva Pereira³, José Aurélio Garcia Bergmann³, Francisco Luiz Ribeiro da Silva⁴

RESUMO - Foram utilizadas 1883 medidas repetidas para fertilidade ao parto (FERT), 1640 para número de crias nascidas (NCN) e 1640 para número de crias desmamadas (NCD), em ovelhas da raça Santa Inês, para estimar herdabilidades e repetibilidades por intermédio de modelos lineares (modelos reprodutor e animal) e não-lineares (modelo de limiar, modelo de reprodutor). Para fertilidade ao parto e número de crias nascidas, os modelos incluíram os efeitos fixos de idade e peso da ovelha à cobertura. Os efeitos da classe rebanho-ano-estação, do animal ou do reprodutor e da ovelha e do efeito residual foram incluídos nos modelos como variáveis aleatórias. Para número de crias desmamadas, os modelos incluíram os mesmos efeitos fixos e aleatórios, exceto peso da ovelha à cobertura, que foi substituído pelo peso da ovelha ao parto. Componentes de variância para os modelos lineares foram estimados usando-se o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), enquanto no modelo de limiar foram estimados usando a Máxima Verossimilhança Marginal (MML), por meios dos programas MTDFREML e CMMAT2, respectivamente. Estimativas de herdabilidades obtidas com o modelo de limiar foram substancialmente maiores do que aquelas obtidas com os modelos lineares para todas as características. Herdabilidades obtidas pelo modelo linear de reprodutor para FERT, NCN e NCD foram 0,07; 0,07 e 0,04, respectivamente. Na mesma ordem, esses valores foram 0,03; 0,09 e 0,01, quando se utilizou o modelo animal. Correspondentemente, herdabilidades estimadas com o modelo de limiar, modelo de reprodutor, foram 0,12; 0,13 e 0,05. Estimativas de repetibilidades foram variadas e algumas foram menores que as herdabilidades, principalmente quando foram utilizados os modelo de reprodutor (linear e de limiar). Correlação de ordem de Spearman, obtidas entre as soluções dos reprodutores, com base nos modelos lineares e de limiar, foram altas e próximas da unidade.

Palavras-chave: fertilidade, herdabilidade, modelo animal, modelo não-linear, ovino, repetibilidade

Estimates of Components of Variance and Genetic Parameters for Reproductive Traits by Means of Linear and Threshold Models

ABSTRACT - A total of 1883 repeated records of fertility (FERT), 1640 records for number of born lambs (NBL) and 1640 records for number of weaned lambs (NWL) from Santa Inês ewes were utilized to estimate (co) variance components and genetic parameters via linear (sire and animal) models and nonlinear threshold sire model. Models for FERT and NBL included the fixed effects of age and breeding weight of ewes. For both traits, herd-year-season, animal (ewe), or sire and daughter and residual were included as random effects. The model for NWL included the same effects, except that breeding weight was replaced by lambing weight. Restricted maximum likelihood -REML was used to estimate the (co) variance components for linear models, and for threshold model they were estimated using an approximation of the marginal maximum likelihood - MML, using the MTDFREML and CMMAT2 programs, respectively. Estimates of heritabilities obtained from threshold model were, substantially, greater than those obtained from linear models for all traits. Heritability obtained from linear sire model for FERT, NLB and NLW were 0.07, 0.07 and 0.04, respectively. In the same order these figures were 0.03, 0.09 and 0.01, when the animal model was applied. Estimates of heritabilities from threshold model were 0.12, 0.13 and 0.05 respectively. Estimates of repeatabilities were within the range of the literature and sometimes lower than heritabilities in this study, mainly when linear and threshold sire models were applied. Spearman rank correlation obtained between sire solutions using linear and threshold models was high and close to one.

Key Words: animal model, fertility, heritability, non-linear model, repeatability, sheep

¹ Parte da tese de doutorado apresentada pelo primeiro autor à UFMG.

² Pesquisador III da EMEPA-PB, Caixa postal 275, CEP 58013-290, João Pessoa - PB. E.mail: wandrick@emepa.org.br

³ Professor da Escola de Veterinária da UFMG, Minas Gerais. E.mail: bergmann@vet.ufmg.br

⁴ Pesquisador da EMBRAPA/CNPC - Sobral. E.mail: ribeiro@cnpc.embrapa.br

Introdução

Em um sistema de produção de ovinos, características reprodutivas, como fertilidade ao parto e número de crias nascidas e desmamadas, são fatores importantes na determinação da eficiência da produção de crias (LARGE, 1970). A eficiência dos sistemas de produção de ovinos é altamente dependente do número de crias nascidas (Dyrving, citado por JORGENSEN, 1994). Por essa razão, tal característica tem assumido grande peso econômico nos programas de seleção de ovinos em alguns países da Europa (OLESEN et al., 1994).

Segundo LAND et al. (1983), as características citadas exibem considerável variação genética, entre e dentro de rebanhos, que pode ser explorada por meio da seleção. No entanto, essas características não têm sido utilizadas em programas de seleção de ovinos, devido às suas baixas herdabilidades, quase sempre obtidas por metodologias aplicadas a modelos lineares que assumem distribuição normal dos dados, pouco apropriados para dados categóricos.

Análises de dados categóricos em melhoramento animal podem fazer uso de modelos de limiar que assumem, subjacente ao fenótipo expresso de forma categórica, uma base genética e de ambiente com distribuição normal.

Características que exibem fenótipo de distribuição discreta são normalmente chamadas de quasi-contínuas ou de "limiar" (FALCONER, 1981). Isto significa que, embora sejam classificadas dentro de uma ou de várias categorias mutuamente exclusivas e exaustivas (GIANOLA, 1982), apresentam herança poligênica.

As metodologias aplicadas a modelos lineares, as quais assumem que os dados seguem uma distribuição normal, são freqüentemente aplicadas a dados categóricos de forma pouco apropriada. De acordo com GATES e URIOSTE (1995), esses métodos produzem estimativas de valores genéticos "quasi-BLUP" e predições de variância "quasi-REML", desde que os dados categóricos sejam "quasi-continuamente" distribuídos. Análises de dados categóricos em melhoramento animal podem fazer uso do modelo de limiar. Conforme GIANOLA (1982), o modelo de limiar assume que, conjuntamente ao fenótipo expresso de forma categórica, o qual freqüentemente não apresenta distribuição normal, repousa uma postulada base genética e ambiental normalmente distribuída. Valores na escala observável são ligados por uma escala subjacente, não-visível, por intermédio de pontos de limiar entre categorias consecutivas.

AL-SHOREPY e NOTTER (1996) estimaram herdabilidades na escala contínua e descontínua, utilizando transformação para características binárias derivada por Robertson em DEMPSTER e LERNER (1950), ou por GIANOLA (1979) para caracteres policótomos. No entanto, para GIANOLA (1982) e HOSCHELE (1986), estimativas de parâmetros genéticos utilizando essas transformações não estão livres de vícios, devido à não-aditividade na escala observável. Portanto, preditores de modelos mistos para efeitos aleatórios baseados em tais estimadores podem ter maior variância do erro de predição.

MATOS et al. (1997) aplicaram a técnica de modelo de limiar descrita por GIANOLA e FOULLEY (1983), para estimar herdabilidades para número de crias nascidas e fertilidade ao parto em rebanhos experimentais de ovelhas Rambouillet e Fimmsheep. Os autores encontraram estimativas de herdabilidades na escala normal subjacente de 0,16 e 0,08, respectivamente, para número de crias nascidas e fertilidade ao parto.

O objetivo deste estudo foi avaliar modelos lineares mistos em contraste com modelos de limiar (modelo não-linear) na estimativa de parâmetros genéticos (herdabilidade e repetibilidade) para fertilidade ao parto, número de crias nascidas e desmamadas em ovinos da raça Santa Inês.

Material e Métodos

Foram utilizados registros de produção e reprodução, obtidos no período de 1985-1995, oriundos de três rebanhos experimentais de ovinos Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA -PB) à EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Caprinos (CNPC) e à EMBRAPA - Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros - CPATC/EMBRAPA. Na Tabela 1 é apresentado o número de observações, de acordo com o rebanho, ano e estação de nascimento. Neste estudo, o termo estação refere-se à época chuvosa (março a julho) ou seca (agosto a fevereiro) da região Nordeste.

Características da raça

A raça Santa Inês é encontrada em toda a região Nordeste do Brasil. Teve origem a partir do cruzamento da raça Italiana Bergamácia com ovelhas crioulas e Morada Nova, seguido de um período de seleção e/ou evolução para ausência de lã. É uma raça de grande porte, com alto potencial para crescimento e produção de leite, mas com baixa taxa de

Tabela 1 - Número de observações para fertilidade ao parto (Fert), número de crias nascidas (NCN) e desmamadas (NCD), de acordo com o rebanho, ano e estação de parição

Table 1 - Number of observations for fertility (Fert), number of born lamb (NLB) and weaned lamb (NLW), according to herd, year and lambing season

Itens	Fert	NCN	NCD
	<i>Fert</i>	<i>NLB</i>	<i>NLW</i>
Rebanho			
<i>Herd</i>			
EMEPA-PB	639	517	517
EMBRAPA CPATC-SE	770	752	752
EMBRAPA-CNPC-CE	424	364	364
Ano do parto			
<i>Year of lambing</i>			
1986	180	117	117
1987	123	81	81
1988	163	153	153
1989	182	173	173
1990	134	121	121
1991	266	239	239
1992	210	208	208
1993	228	217	217
1994	162	154	154
1995	185	165	165
Estação de parição			
<i>Lambing season</i>			
Seca			
<i>Dry</i>	284	210	210
Chuvosa	1549	1423	1423
<i>Rainy</i>			

partos múltiplos (FIGUEIREDO et al., 1983). O padrão da pelagem inclui o branco, o vermelho, o preto e o malhado. Em condições de pastejo, o peso de uma ovelha adulta varia de 40 a 60 kg e os machos podem atingir até 90 kg. A raça é encontrada, geralmente, em áreas com melhores condições de pastagens e/ou de manejo do que as outras raças deslanadas. Descrições mais detalhadas podem ser encontradas em FIGUEIREDO (1986), RAJAD (1987) e SOUSA (1987).

Práticas de manejo e seleção nos rebanhos

Durante o período de coletas dos dados, os rebanhos permaneceram em campos de pastagem nativa e nativa melhorada constituídas de capim Buffel (*Cenchrus ciliaris*) e Pangola (*Digitaria decumbis*) durante a maior parte do ano. Nos períodos de escassez de alimentos, os animais receberam no cocho suplementação alimentar à base de silagem, palma forrageira (*Opuntia ficus* sp), capim-elefante (*Penisetum purpureum*) e uma ração concentrada,

quando necessário. A suplementação mineral foi prática constante durante todo o ano. O plano sanitário consistiu de vacinações contra febre aftosa, controle sistemático de endo e ecto-parasitas e tratamento clínico da linfadenite caseosa.

Os rebanhos foram submetidos a um período de monta controlada, com duração de 42 a 60 dias, que, normalmente, tinha início no mês de outubro, novembro ou dezembro, época seca, fazendo com que o terço final da prenhez e parte da lactação coincidisse com a época chuvosa. Durante a estação de monta, as ovelhas receberam suplementação alimentar, devido à escassez de forragens na região. As ovelhas em estro foram identificadas por meio da utilização de machos vasectomizados e a monta foi controlada a intervalos de 12 horas, aproximadamente, até a não aceitação do reprodutor pela ovelha. Os reprodutores selecionados foram acasalados ao acaso, com as ovelhas do rebanho.

Inicialmente, a seleção nos rebanhos foi feita enfatizando somente a conformação dos animais, por meio de avaliações visuais. Posteriormente, reprodutores e matrizes foram selecionados com base na ausência de defeitos, no tipo de nascimento, no desenvolvimento e saúde clínica do sistema genital, na conformação dos aprumos e no desempenho reprodutivo e crescimento das crias. Além disso, a reposição dos animais atendeu aos requisitos dos padrões raciais da Associação de Criadores. A maioria dos reprodutores foi adquirida de rebanhos particulares e outros foram permutados entre os rebanhos experimentais. Esses animais foram utilizados por período máximo de três anos consecutivos, sendo, então, removidos do rebanho. As ovelhas não foram substituídas após qualquer período específico, mas foram descartadas, principalmente, por insucesso na fertilidade ao parto, por inabilidade materna e por idade e/ou enfermidades.

Características

Para avaliação dos diversos componentes do desempenho reprodutivo da ovelha, foram consideradas as seguintes características:

Fertilidade ao parto: ovelhas paridas por ovelhas cobertas (codificada como "1" se pariu e como "0" caso contrário).

Número de crias nascidas: crias nascidas por ovelhas paridas (codificado como 1 para partos simples e 2 para partos múltiplos).

Número de crias desmamadas: crias desmamada por ovelhas paridas (codificado como 0, 1, 2).

O número de observações por características e classes de efeitos fixos é apresentado na Tabela 2.

Procedimentos estatísticos

Inicialmente, uma análise pelo método dos quadrados mínimos foi conduzida, utilizando o procedimento GLM do programa estatístico (SAS, 1988) para identificar os fatores que poderiam influenciar as características estudadas. Fatores considerados nesses modelos incluíram: idade da ovelha, mês e ano de parição, rebanho e peso da ovelha à cobertura e ao parto e reprodutor. Na formação do grupo contemporâneo, rebanho-ano-estação, a estação de parição foi estabelecida como: estação I, chuvosa (março-julho), e estação II, seca (agosto-fevereiro). O modelo operacional final para fertilidade e número de crias nascidas incluiu as classes da idade e peso da ovelha à cobertura e rebanho-ano-estação. Para número de crias desmamadas, os fatores foram os mesmos,

exceto o peso da ovelha à cobertura, que foi substituído por peso da ovelha ao parto. Devido às limitações do Programa CMMAT2 (Programa para análise de modelos lineares e modelo de limiar com suporte para estimação de componentes de variância e modelo reprodutor avô materno "tipo REML"), relacionadas com a metodologia que será descrita a seguir, todas as variáveis independentes foram modeladas como variáveis classificatórias. Na Tabela 3 são apresentadas as distribuições das observações por característica e sumário da estatística dos dados e variáveis estudadas.

Para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos (herdabilidade e repetibilidade) para as características estudadas, foram utilizados modelos lineares mistos (modelos de reprodutor e modelo animal) e de limiar (modelo de reprodutor). Os procedimentos utilizados nas análises foram apresentados por HENDERSON (1973) para modelos lineares e por GIANOLA e FOULLEY, (1983) para dados categóricos (modelo de limiar).

Modelos lineares mistos

O modelo linear misto na forma matricial é representado por:

$$Y = X\beta + Zu + e \quad [1.1]$$

em que $E(Y) = X\beta$; $E(u) = 0$; $E(e) = 0$, podendo "u" ser decomposto em fatores: $u' = [u'1, u'2 \dots u'p]$. Definindo

$$G = V(u) = V \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ u_p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{11}\sigma_1^2 & C_{12}\sigma_{12} & \cdot & \cdot & C_{1p}\sigma_{1p} \\ C_{21}\sigma_{21} & C_{22}\sigma_2^2 & \cdot & \cdot & C_{2p}\sigma_{2p} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ C_{p1}\sigma_{p1} & C_{p2}\sigma_{p2} & \cdot & \cdot & C_{pp}\sigma_p^2 \end{bmatrix} \quad [1.2]$$

em que C_{ii} é a matriz de correlação entre os elementos do vetor u_i ; C_{ij} , a matriz de correlação entre os elementos dos vetores u_i e u_j ; σ_i^2 , o componente de variância correspondente ao vetor u_i ; σ_{ij} , o componente de covariância entre os vetores u_i e u_j ; $R = V(e) = I\sigma_o^2$, então $V(Y) = ZGZ' + R = V$.

Se Z é decomposta como u , então: $Z = [Z_1, Z_2 \dots Z_p]$ e

$$ZGZ' = \sum_{i=1}^p Z_i C_{ij} Z_j' \sigma_{ij}$$

Fazendo $V_{ij} = Z_i C_{ij} Z_j'$ e $V_0 = I$, Então:

$$V = \sum_{i=0}^p V_{ij} \sigma_{ij}$$

Pressupõe-se que o vetor Y seja aleatório e não

Tabela 2 - Número de observações por característica e níveis dos efeitos fixos

Table 2 - Number of observations by trait and levels of fixed effects

Parâmetros Parameters	Características Traits		
	Fertilidade Fertility	NCN ¹ NLB	NCD ² NLW
Idade da ovelha (anos) Age of ewe (years)			
≤ 2	425	388	388
> 2 ≤ 3	433	403	403
> 3 ≤ 4	294	288	288
> 4 ≤ 5	272	227	227
> 5 ≤ 6	179	162	152
> 6 ≤ 7	141	123	123
> 7	89	59	59
Peso da ovelha à cobertura (kg) Weight of the ewe at mating (kg)			
≤ 35	284	284	
> 35 ≤ 40	411	411	
> 40 ≤ 45	478	478	
> 45 ≤ 50	390	390	
> 50	270	270	
Peso da ovelha ao parto (kg) Weight of the ewe at lambing			
≤ 35			124
> 35 ≤ 40			307
> 40 ≤ 45			455
> 45 ≤ 50			398
> 50			356

¹NCN = Número de crias nascidas por ovelha parida (Number of born lamb by lambing ewe).

²NCD = Número de crias desmamadas por ovelha parida (Number of weaned lamb by lambing ewe).

Tabela 3 - Sumário da estatística dos dados e variáveis estudadas

Table 3 - Summary of the data statistics and studied variables

Parâmetros <i>Parameters</i>	Características <i>Traits</i>		
	Fertilidade <i>Fertility</i>	NCN ¹ <i>NLB</i>	NCD ² <i>NLW</i>
Categorias <i>Categories</i>	0, 1	1, 2	0, 1, 2
Média ± DP <i>Means ± SD</i>	0,85±0,35	1,26±0,43	1,04±0,46
CV %	41	34	44
Número de observações <i>Number of observations</i>	1833	1633	1633
Número de reprodutores <i>Number of sires</i>	84	78	78
Nº médio de filhos reprodutor <i>Number lambs per sire</i>	9	7,87	7,84
Número de ovelhas <i>Number of ewes</i>	758	614	614
Nº médio de obs/ovelha <i>Number of obs per ewe</i>	2,41	2,67	2,67
Nº de ovelhas (%) <i>Number of ewe (%)</i>			
Paridas <i>Lambing</i>	(1559) 85		
Não-paridas <i>Non lambing</i>	(274) 15		
Nº de crias nascidas (%) <i>NLB (%)</i>			
1 Simples <i>1 Single</i>	(1209) 74,1		
2 Múltiplos <i>2 Multiple</i>	(424) 25,9		
Nº de crias desmamadas (%) <i>NLW (%)</i>			
0	(217) 13,3		
1	(1271) 77,8		
2	(145) 8,9		

¹NCN = Número de crias nascidas por ovelha parida (*Number of born lamb by lambing ewe*).

²NCD = Número de crias desmamadas por ovelha parida (*Number of weaned lamb by lambing ewe*).

influenciado pela seleção em qualquer das variáveis do modelo.

Modelo de reprodutor

O modelo de reprodutor utilizado neste estudo para fertilidade e número de crias nascidas foi:

$$Y_{ijklmn} = \mu + hys_i + I_j + P_k + S_l + C_m + e_{ijklmn} \quad [1.3]$$

em que Y_{ijklmn} é valor de observações da característica; μ , efeito comum às observações; hys_i , efeito aleatório do i -ésimo rebanho-ano-estação $\sim N(0, I_{hys} \sigma_{hys}^2)$; I_j , efeito fixo da j -ésima idade da ovelha; P_k , efeito fixo do k -ésimo nível do peso corporal da

ovelha à cobertura; S_l , efeito aleatório do l -ésimo reprodutor $\sim N(0, I_r \sigma_r^2)$; C_m , efeito aleatório da m -ésima ovelha $\sim N(0, I_c \sigma_c^2)$; e_{ijklmn} , efeito aleatório residual associado à n -ésima observação $\sim N(0, I_e \sigma_e^2)$.

Para número de crias desmamadas, o modelo foi o mesmo, exceto o peso da ovelha à cobertura, que foi substituído por peso da ovelha ao parto.

Sob este modelo os estimadores de herdabilidade (h^2) e repetibilidade (r) foram calculados, respectivamente, por:

$$h^2 = \frac{4s_s^2}{s_s^2 + s_{hys}^2 + s_c^2 + s_e^2} \quad [1.4]$$

$$r = \frac{s_s^2 + s_c^2}{s_s^2 + s_{hys}^2 + s_c^2 + s_e^2} \quad [1.5]$$

sendo $\sigma_s^2 = 1/4 \sigma_a^2$ e $\sigma_e^2 = 3/4 \sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2$

Modelo animal

O modelo animal utilizado foi o seguinte:

$$Y_{ijkl} = \mu + hys_i + I_j + P_k + a_l + pe_m + e_{ijklmn} \quad [1.6]$$

em que Y_{ijkl} é valor de observações da característica; μ , efeito comum para todas as observações; hys_i , efeito aleatório do i -ésimo nível de rebanho-ano-estação $\sim N(0, I_{hys} \sigma_{hys}^2)$; I_j , efeito fixo da j -ésima idade da ovelha ao parto; P_k , efeito do k -ésimo nível do peso da ovelha à cobertura; a_l , efeito aleatório genético aditivo do l -ésimo animal $\sim N(0, A \sigma_a^2)$; pe_m , efeito aleatório de ambiente permanente da m -ésima ovelha $\sim N(0, I_{pe} \sigma_{pe}^2)$; e_{ijklmn} , erro aleatório associado a cada observação $\sim N(0, I_e \sigma_e^2)$.

em que A é a matriz de coeficientes de parentesco genético aditivo entre os animais; I_{hys} , I_{pe} e I_e , matrizes identidade de ordem apropriada; $e \sigma_a^2$, σ_{hys}^2 , σ_{pe}^2 e σ_e^2 , as variâncias genética aditiva, de rebanho-ano-estação, de ambiente permanente e residual, respectivamente. Sob este modelo os estimadores de herdabilidade (h^2) e repetibilidade (r) são dados, respectivamente, por:

$$h^2 = \frac{s_a^2}{s_a^2 + s_{hys}^2 + s_{pe}^2 + s_e^2} \quad [1.7]$$

$$r = \frac{s_a^2 + s_{pe}^2}{s_a^2 + s_{hys}^2 + s_{pe}^2 + s_e^2} \quad [1.8]$$

Estimativas REML de componentes de variância

para os diferentes modelos lineares foram obtidas utilizando o aplicativo MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995).

Modelo de limiar

O modelo de limiar (não-linear) utilizado foi o proposto por GIANOLA e FOULLEY (1983), utilizando o programa computacional desenvolvido por MISZTAL (1989). Tal modelo baseia-se no conceito de limiar, segundo DEMPSTER e LERNER (1950) e FALCONER (1965), o qual pressupõe o processo de resposta estar relacionado a uma variável contínua subjacente, normalmente distribuída chamada *Liability* (Predisposição) " ℓ ", e a um conjunto de limiares fixos, $\delta' = [\delta_1 < \delta_2 \dots < \delta_{m-1}]$, que divide a linha da tabela de contingência dentro de m intervalos correspondentes às categorias de respostas, com $\delta_0 = -\infty$ e $\delta_m = +\infty$. A distribuição de " ℓ " no contexto do modelo multifatorial da genética quantitativa pode ser assumida como normal (DEMPSTER e LERNER, 1950; GIANOLA, 1982), portanto esta variável é considerada como o resultado da combinação linear de pequenos efeitos a partir de alelos em um grande número de locus, mais os componentes aleatórios e de ambiente.

Como proposto por GIANOLA e FOULLEY (1983), para análises de dados categóricos, os dados são organizados em uma tabela de contingência $s \times m$, em que as " σ " linhas representam indivíduos ou combinações de níveis de variáveis explanatórias e as " μ " colunas representam categorias de respostas ordenadas mutuamente exclusivas e exaustivas. Os dados na tabela de contingência podem ser representados simbolicamente por uma matriz $m \times s$: $Y = [Y_1, Y_2 \dots Y_j, \dots, Y_s]$, em que Y_j é um vetor $m \times 1$.

Tem-se que:

$$Y_j = \sum_{r=1}^{n_j} Y_{jr}$$

e Y_{jr} é um vetor $m \times 1$, tendo 1 na linha correspondente à categoria de resposta da j -ésima unidade experimental e zero nos outros lugares.

Associado a cada linha da tabela de contingência ($s \times m$), existe um parâmetro de locação " h_j ", tal que a variável subjacente para a q -ésima unidade experimental na j -ésima linha possa ser escrita como:

$$\text{Predisposição} = \ell_{jq} = \eta_j + \varepsilon_{jq} \quad [1.9]$$

em que $j = 1, \dots, s$ e $q = 1, \dots, n_j$ e $\varepsilon_{jq} \sim \text{IID } N(0, \sigma^2)$, em que IID significa independente e identicamente distribuída.

Nota-se que a variância residual é tomada como a unidade de medida na escala subjacente. Ao parâmetro

η_j é dada uma estrutura linear $\eta_j = q'_{jv} + z'_{ju}$, em que q'_j e z'_j são vetores conhecidos e v e u , vetores não conhecidos correspondentes aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente, nas análises de modelo linear.

Na forma matricial, $\eta = Qv + Zu$, em que h é de ordem $s \times 1$ e Q e Z , matrizes de ordem apropriada, com v definido tal que Q tenha posto coluna completo r .

Fazendo $Q = [1, X]$ sendo 1 um vetor de 1's e tal que posto $(x) = r-1$, tem-se: $h = 1v + Xb + Zu$, em que b é um vetor de $r-1$ elementos.

Dado η_j , a probabilidade de respostas na k -ésima categoria, para a subpopulação j é dada por:

$$P_{jk} = \Phi(t_k - \mu_j) - \Phi(t_{k-1} - \mu_j) \quad [1.10]$$

$$k = 1, \dots, m-1 \text{ e } j = 1, \dots, s$$

em que $\Phi(\cdot)$ é a função de distribuição normal padrão, $t_k = \delta_k - v_j$, $k = (1, 2, \dots, m-1)$, é um vetor de limiares padronizados e $\mu_j = X'_j \beta + Z'_j u$.

O desenvolvimento detalhado do método está apresentado em SOUSA (1997).

Componentes de variância foram estimados usando-se um algoritmo tipo EM (maximização das esperanças) para aproximar a Máxima Verossimilhança Marginal (MML), considerada por HARVILLE e MEE (1984) como uma extensão natural da REML.

No programa computacional utilizado, proposto por MISZTAL (1989), para estimar componentes de variância (CMMAT2), as equações propostas por GIANOLA e FOULLEY (1983) foram modificadas para que pudessem ser resolvidas usando técnicas apropriadas para análise de modelo linear padrão.

Descrição do aplicativo CMMAT2

CMMAT2 é um programa para análises de modelos lineares mistos e de limiar, com suporte para estimação de componentes de variância "tipo REML" e Modelo reprodutor avô-materno. Neste modelo, é empregado um esquema iterativo implementado em Fortran 77 fazendo uso do algoritmo "EM (maximização das esperanças)". Como neste caso a convergência é lenta para torná-la mais rápida, foi usada a seguinte fórmula, primeiramente descrita por VAN RADEN (1986) e modificada por MISZTAL (1989).

$$s_u^2 = \frac{\mathbf{u}'(\mathbf{A}^{-1})\mathbf{u} - s_u^2 \mathbf{I} (q - \mathbf{a} \text{ tr } \mathbf{C}_{ii})}{(q - \mathbf{a} \text{ tr } \mathbf{C}_{ii}) / (1 - \mathbf{I})} \quad [1.11]$$

em que q é o número de níveis da variável aleatória considerada (reprodutor); \mathbf{A}^{-1} , a inversa da matriz dos numeradores dos coeficientes do parentesco; tr ,

Resultados e Discussão

traço da matriz. $\hat{\mathbf{a}} = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_u^2}$, sendo σ_e^2 a variância do erro, σ_u^2 é a variância da variável aleatória considerada, λ é um fator de aceleração da convergência; $0 \leq \lambda < 1$ e C_{ii} é o elemento da diagonal correspondente ao efeito considerado, na matriz dos coeficientes das equações apresentadas por GIANOLA e FOLLEY (1983) para obtenção das matrizes t e β e predição de u .

Para o modelo reprodutor, o critério de convergência utilizado foi quando as variâncias estabilizavam, isto é, quando a diferença entre o valor do componente de variância em duas rodadas consecutivas era menor do que 10^{-4} .

Rebanho-ano-estação tratado como aleatório

Segundo MISZTAL et al. (1989), um problema peculiar ao modelo de limiar ocorre quando todas as observações de determinado efeito fixo caem em uma categoria extrema. Nesse caso, o valor de μ que maximiza a verossimilhança é infinito. Isso não ocorre com fatores aleatórios, devido ao efeito da distribuição "a priori". Devido a isso, alguns trabalhos (WELLER et al., 1986; CLUTTER e BERGER 1988; PETTER e URIOSTE, 1995) consideram o efeito de rebanho ou da classe rebanho ano estação, como aleatório. WELLER e RON (1992) relataram que o tratamento incorreto desse efeito pode ser mais importante quando os registros são dicótomos, porque cada registro contribui com menos informações do que aqueles registros de variáveis contínuas.

Para não remover aquelas subclasses de rebanho-ano-estação com *problemas nas categorias extremas* (PCE), o que levaria as estimativas e predições não serem representativas da distribuição de níveis na população estudada, optou-se por tratar rebanho-ano-estação como aleatório. Visto que rebanho-ano-estação foi tratado como variável aleatória, houve mais efetividade no uso de todos os dados. Isso significa que as soluções refletiam estimativas obtidas com todos os dados, em vez de somente naquelas subclasses com escore (níveis) no mínimo em duas categorias ou todos os escores coincidindo em categorias intermediárias.

Modelos

O modelo de reprodutor utilizado foi o mesmo apresentado em [1.3]

Na Tabela 4 são apresentadas as estimativas de componentes de variância de acordo com o modelo especificado.

Estimativas de componentes de variância obtidos com o modelo animal (Tabela 4) mostraram que a fração da variância fenotípica explicada pelo efeito de ambiente permanente foi de 5,7% para o número de crias nascidas, 2,1 vezes maior do que para número de crias desmamadas, que foi de apenas 2,4%. Similar tendência foi observada com o modelo de reprodutor-linear, com valores correspondentes de 8,7% e 3,4%.

Herdabilidade (h^2)

Estimativas de herdabilidades para fertilidade ao parto e número de crias nascidas e desmamadas,

Tabela 4 - Estimativas de componentes de variância para fertilidade (FERT) e número de crias nascidas (NCN) e desmamadas (NCD), utilizando-se modelos lineares e de limiar

Table 4 - Estimates of variance components for fertility (FERT) and number of born lamb (NLB) and weaned lamb (NLW) using linear and threshold models

Modelos <i>Models</i>	Características <i>Traits</i>		
	Fertilidade <i>Fertility</i>	NCN ¹ <i>NLB</i>	NCD2 <i>NLW</i>
Modelo reprodutor (linear) <i>Sire model linear</i>			
σ_r^2	0,0023	0,0032	0,0020
σ_o^2	0,0004	0,0134	0,0069
σ^2	0,0133	0,0176	0,0200
σ_{hys}^2	0,1107	0,1496	0,1898
σ_e^2	0,1267	0,1838	0,2187
Modelo reprodutor (limiar) <i>Sire model (threshold)</i>			
σ_r^2	0,0436	0,0432	0,0168
σ^2	0,0005	0,0921	0,0374
σ_o^2	0,3891	0,2145	0,1582
σ_{hys}^2	1,0	1,0	1,0
σ_e^2	1,4332	1,3109	1,2124
Modelo animal (linear) <i>Animal model</i>			
σ_a^2	0,0037	0,0179	0,0191
σ^2	0,0000	0,0044	0,0000
σ_{pe}^2	0,0131	0,0818	3,0488
σ_{hys}^2	0,1106	0,1491	0,1906
σ_e^2	0,1274	0,1895	3,2586

σ_r^2 = variância de reprodutor, σ_o^2 = variância da ovelha, σ_e^2 = variância residual, σ_p^2 = variância fenotípica, σ_{hys}^2 = variância de rebanho-ano-estação, σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente.

obtidas com os diferentes modelos, são apresentadas na Tabela 5.

Estimativas de herdabilidade obtidas para número de crias nascidas variaram de 0,07 a 0,13, sendo que a maior foi obtida com o modelo de reprodutor-limiar. Para número de crias desmamadas estes números variaram de 0,01 a 0,05.

Em geral, neste estudo, as estimativas de herdabilidades obtidas com o modelo reprodutor-limiar foram maiores que as obtidas com os modelos lineares (reprodutor e animal). Teoricamente, estimativas de herdabilidades maiores são esperadas, quando se utiliza o modelo de limiar (DEMPSTER e LERNER, 1950; GIANOLA, 1982), por ser difícil obter estimativas de parâmetros genéticos aditivos livres de vícios de não-aditividade, se a escala categórica é usada para análise. As estimativas obtidas com o modelo de reprodutor-linear foram, geralmente, maiores que as obtidas com o modelo animal. Isso não era esperado, pois, no modelo animal, todo o parentesco conhecido foi considerado, enquanto no modelo reprodutor isto não aconteceu. A maior variação genética do modelo reprodutor pode ser atribuída à variação entre grupos de reprodutores de maior potencial genético, introduzidos no rebanho, provavelmente não-aparentados, e reprodutores locais. Deve-se considerar que 70% dos reprodutores nos rebanhos são introduzidos. A informação do parentesco, neste caso, pode não necessariamente aumentar a variação genética estimada no modelo animal. Outra possível causa seria a existência de ambiente comum entre membros de uma mesma família. Deve-se considerar, também, que os erros-padrão das estimativas não foram obtidos para o modelo de reprodutor.

Estimativas de herdabilidades para número de crias nascidas, obtidas neste estudo, foram consistentemente maiores do que aquelas obtidas para número

de crias desmamadas. Isto poderia ser explicado pela moderada herdabilidade obtida para sobrevivência (0,14 e 0,29) para este mesmo conjunto de dados, pois número de crias desmamadas é uma característica composta, que combina número de crias nascidos com características menos herdáveis, como sobrevivência e habilidade materna.

Em geral, as estimativas de herdabilidades obtidas para fertilidade, utilizando-se modelos lineares, foram próximas daquelas previamente reportadas por SHELTON e MENZIES (1970), ATKINS (1986), BODIN et al. (1988) e BUNGE et al. (1990). Resultados similares aos encontrados neste estudo foram também obtidos por MATOS et al. (1997), que obtiveram herdabilidades próximas de zero, usando os modelos lineares de reprodutor e animal.

Estimativas de herdabilidade para fertilidade ao parto, obtidas assumindo-se a escala normal contínua subjacente (modelo de limiar), são ainda escassas. No entanto, AL-SHOREPY e NOTTER (1996) e MATOS et al. (1997) obtiveram estimativas que variaram de 0,08 a 0,10. Para número de crias nascidas, estimativas encontradas na literatura têm variado de 0,0 a 0,62, tanto na escala observável como na normal. JORGENSEN (1994), utilizando o modelo reprodutor-limiar, obteve estimativas de herdabilidade para número de crias nascidas e desmamadas de 0,14 e 0,11; 0,19 e 0,09; e 0,18 e 0,27, respectivamente, para as raças Texel, Shropshire e Oxforddown. Esses valores estão próximos daqueles obtidos neste estudo para NCN, porém estão acima daqueles obtidos para NCD. Em estudo mais recente, utilizando o modelo de limiar (reprodutor e animal), MATOS et al. (1997) obtiveram estimativas de herdabilidades para NCN que variaram de 0,13 a 0,45. Ainda de acordo com os mesmos autores, a metodologia de modelos não-lineares principalmente o modelo de limiar tem

Tabela 5 - Estimativas de herdabilidades (h^2) de acordo com a característica e modelo
Table 5 - Estimates of heritabilities (h^2) according to traits and models

Características <i>Traits</i>	Modelos <i>Models</i>		
	Reprodutor - linear <i>Sire - linear</i>	Reprodutor - limiar <i>Sire - threshold</i>	Animal <i>Animal</i>
Fertilidade <i>Fertility</i>	0,07	0,12	0,03±0,02
Nº de crias nascidas <i>Number of born lamb</i>	0,07	0,13	0,09±0,04
Nº de crias desmamadas <i>Number of weaned lamb</i>	0,04	0,05	0,01±0,01

Tabela 6 - Estimativas de repetibilidade (r) de acordo com as características e modelo
 Table 6 - Estimates of repeatability (r) according to the traits and models

Características <i>Traits</i>	Modelos <i>Models</i>		
	Reprodutor-linear <i>Sire - linear</i>	Reprodutor-limiar <i>Sire - threshold</i>	Animal <i>Animal</i>
	r	r	r
Fertilidade <i>Fertility</i>	0,02	0,03	0,03
Nº de crias nascidas <i>Number of born lamb</i>	0,09	0,10	0,12
Nº de crias desmamadas <i>Number of weaned lambs</i>	0,04	0,04	0,01

merecido atenção dos melhoristas, pelo fato de que esses métodos são teoricamente mais judiciosos e, assim, pode incluir maior parte da variação genética aditiva do que seria possível com os que utilizam modelos lineares. Então, seria possível obter melhores estimativas de taxas de progresso genético com as herdabilidades obtidas com essas metodologias.

Estimativas de repetibilidade obtidas utilizando-se modelos linear e não-lineares (modelo de limiar) são apresentados na Tabela 6. Neste estudo, em geral, estimativas de repetibilidade obtidas com os modelos usando-se os diferentes métodos foram muito próximas. Embora as estimativas de repetibilidade para fertilidade tenham variado de 0,02 a 0,03, estão dentro do intervalo daquelas normalmente encontradas na literatura. NOTTER (1981), CLARKE e HOHENBOKEN (1983), DAVIS e KINGHORN (1986), BUNGE et al. (1990), AL-SHOREPY e NOTTER (1996) e MATOS et al. (1997) obtiveram estimativas de repetibilidade para diferentes raças de ovinos na escala binomial, variando de 0,03 a 0,23. Na escala normal, utilizando o modelo de limiar, MATOS et al. (1997) reportaram estimativas de repetibilidades de 0,11 e 0,17, respectivamente, para as raças Ramboillet e Finnsheep.

Estimativas de repetibilidade obtidas nesta pesquisa, para número de crias nascidas, foram próximas de 0,10 nos diferentes modelos utilizados. Para número de crias desmamadas, estes valores também não foram diferentes. As estimativas obtidas foram 0,04; 0,04; e 0,01, com os modelos reprodutor-linear, reprodutor-limiar e modelo animal, respectivamente.

Estimativas de repetibilidade para número de crias nascidas e desmamadas estão de acordo com as encontradas na literatura. Para número de crias nascidas, estimativas comparáveis têm variado de

0,06 a 0,25 (PURSER, 1965; SHELTON e MENZIES, 1970; FOGARTY et al., 1985; BUNGE et al., 1990; e JORGENSEN, 1994). Em estudos mais recentes, AL-SHOREPY e NOTTER (1996) reportaram estimativa de repetibilidade para número de crias nascidas de 0,14. Em outro estudo, utilizando diferentes modelos lineares e não-lineares, MATOS et al. (1997) obtiveram estimativas de repetibilidades para número de crias nascidas de 0,20; 0,21 e 0,25 com os modelos reprodutor (linear), animal e reprodutor-limiar, respectivamente.

Estimativas de repetibilidades para número de crias desmamadas encontradas na literatura têm sido mais escassas. JORGENSEN (1994) obteve valores de repetibilidade para esta característica de 0,11; 0,10 e 0,0 em dados das raças Texel, Shropshire e Oxforddown, respectivamente. Os valores obtidos neste trabalho, embora muito baixo, estão próximos dos relacionados acima.

Neste estudo, algumas vezes, as estimativas de herdabilidade obtidas com o modelo reprodutor (linear e limiar) excederam as estimativas de repetibilidade, como relatado por MATOS et al. (1997) e AL-SHOREPY e NOTTER (1996), que também encontraram estimativas de herdabilidade maiores que a repetibilidade, quando utilizaram o modelo de reprodutor. Segundo MATOS et al. (1997), isto é devido à maximização, que não leva em consideração a restrição de que, para $r > h^2$,

$$\sigma_s^2 + \sigma_c^2 > 4\sigma_s^2 \quad \text{ou equivalentemente} \quad [1.12]$$

$$\sigma_c^2 > 3\sigma_s^2 \quad [1.13]$$

As estimativas de herdabilidades obtidas excederam a de repetibilidade mais freqüentemente com o modelo limiar do que com o modelo de reprodutor linear. Este problema também foi relatado por VAN VLECK et

al. (1991) em uma análise de taxa de gêmeos em bovinos utilizando modelos lineares de reprodutor. Devido a esta limitação e, ainda, considerando que todo o parentesco entre animais é usado no modelo animal, este tem sido recomendado, em vez do modelo linear de reprodutor. Ainda para MATOS et al. (1997), caso estes resultados se confirmem em outros estudos similares, então o uso de modelo animal torna-se, eventualmente, ainda mais indicado na avaliação de dados categóricos do que na avaliação de dados contínuos.

Classificação de reprodutores

Correlação de ordem de Spearman, entre as soluções dos reprodutores, com base nos modelos lineares e não-lineares foram 0,98; 0,98; e 0,99 para fertilidade ao parto, número de crias nascidas e número de crias desmamadas, respectivamente, indicando que as classificações dos reprodutores, obtidas com base nos dois modelos, foram praticamente idênticas. Este resultado está de acordo com aqueles que utilizaram comparações similares, envolvendo análises de dados categóricos em ovinos (OLESEN et al., 1994). Resultados semelhantes aos obtidos neste estudo, para número de crias nascidas e desmamadas, também foram relatados por JORGENSEN (1994). Esse autor obteve correlações de 0,99 e 0,97 entre as soluções dos reprodutores, utilizando os modelos linear e não-linear, respectivamente, para número de crias nascidas e desmamadas

Conclusões

A utilização do modelo de limiar, que considera a natureza multinomial das características categóricas, é apropriada em análises genéticas para fertilidade ao parto, número de crias nascidas e desmamadas, com estimativas de herdabilidade maiores que as obtidas pelos métodos lineares.

A correlação de ordem de Spearman entre a capacidade de transmissão dos reprodutores indica alta correspondência entre as classificações obtidas pelos métodos linear e de limiar.

Implicações

A seleção de reprodutores pelos valores genéticos preditos, pelo método linear, levaria ao mesmo ganho genético que a seleção de reprodutores pelos valores genéticos preditos pelo modelo de limiar, quando um modelo de reprodutor é utilizado.

O ganho genético esperado, com base nos parâmetros estimados pela metodologia do modelo linear, pode substituir o ganho genético potencialmente realizável.

Referências Bibliográficas

- AL-SHOREPY, S., NOTTER, D.R. 1996. Genetic variation and covariation for ewe reproduction, lamb growth, and lamb scrotal circumference in a fall-lambing sheep flock. *J. Anim. Sci.*, 74:1490-1498.
- ATKINS, K.D. 1986. A genetic analysis of components of lifetime productivity in Scottish Blackface sheep. *Anim. Prod.*, 43:405-419.
- BODIN, L., BIBE, B., BLANC, M.R. et al. 1988. Genetic relationship between prepuberal plasma FSH levels and reproductive performance in Lacaune ewe lambs. *Genet. Sel. Evol.*, 20:489-490.
- BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D. et al. 1995. *A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimative of variances and co-variances (DRAFT)*. Lincoln: USDA/ARS. 120p.
- BUNGE, R., THOMAS, D.L., STOOKEY, J.M. 1990. Factors affecting productivity of Rambouillet ewes mated to ram lambs. *J. Anim. Sci.*, 68:2253-2254.
- CLARKE, S.E., HOHENBOKEN, W.D. 1983. Estimation of repeatability, heritability and breed differences for lamb production. *J. Anim. Sci.*, 56:309-310.
- CLUTTER, A.C., BERGER, P.J. 1989. Threshold model analysis of dystocia in dairy cattle when progeny information is limited. *J. Dairy Sci.*, 72:3264-3272.
- DAVIS, G.P., KINGHORN, B.P. Genetic and phenotypic parameters for growth, wool production and reproduction traits in a line of Merino sheep. In: WORLD CONGRESS. GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 3, 1986, Macmillan, Melbourne, Austrália. *Proceedings...* Macmillan, Melbourne, Austrália, 1973. v.11, p.145-146.
- DEMPSTER, E.R., LERNER, I.M. 1950. Heritability of threshold characters. *Genetics*, 35:212-236.
- FALCONER, D.S. 1981. *Introduction to quantitative genetics*. 2.ed. London: Longman.
- FALCONER, D.S. 1965. The inheritance of liability to certain diseases estimated from the incidence from relatives. *Ann. Hum. Genet.*, 29:51-76.
- FIGUEIREDO, E.A.P. *Potential breeding plans developed from observed genetic parameters and simulated genotypes for Morada Nova sheep in Northeast Brazil*. Texas: Texas A&M University, College Station, 1986. 179p. Tese (Doutorado) - Texas A&M University, 1986.
- FIGUEIREDO, E.A.P., OLIVEIRA, E.R., BELLAVER, C. 1983. et al. Hair sheep performance in Brazil. In: FITZHUGH, H.A., BRADFORD, G.E. (Eds.) *Hair sheep of Western Africa and the Americas*. Colorado: Westview Press, Boulder. p.125-140.
- FOGARTY, N.M., DICKERSON, G.E., YOUNG, D.L. 1985. Lamb production and its components in pure breeds and composite lines. III. Genetic parameters. *J. Anim. Sci.*, 60:40-41.
- GATES, J.P., URIOSTE, J.I. 1985. Heritability and sire genetic trend for litter size in Swedish sheep estimated with linear and threshold models. *Acta Agric. Scand. Sect. A. Anim. Sci.*, 45:228-235.
- GIANOLA, D., FOULLEY, J. L. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Génét. Sél. Evol.*, 15:201-224.
- GIANOLA, D. 1979. Heritability of polychotomous characters. *Genetics*, 93:1051-1055.
- GIANOLA, D. 1982. Theory and analysis of threshold characters. *J. Anim. Sci.*, 54:1079-1080.
- HARVILLE, D.A., MEE, R.W. 1984. A mixed model procedure for analyzing ordered categorical data. *Biometrics*, 40:393-408.

- HENDERSON, C.R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. JAY LUSH, 1973, Blackstrug, Virginia. *Proceedings...*Champaign, 1973. p.10-41.
- HOSCHELE, I. *Estimation of breeding values and variance components with quasi-continuous data*. Hohenheim: University of Hohenheim 214p. 1986. Tese (Doutorado) - University of Hohenheim, 1986.
- JORGENSEN, J.N. 1994. Estimation of genetic parameters for litter size in sheep using a non-linear method. *Acta Agric. Scand. Sect. A, Animal. Sci.*, 44:8-11.
- LAND, R.B., ATKINS, K.D., ROBERTS, R.C. 1983. Genetic improvement of reproductive performance. Sheep production. HARESIGN, W. (Ed.). Butterworths, London. p.515-535.
- LARGE, R. V. 1970. The biological efficiency of meat production in sheep. *Anim. Prod.*, 12:393-401.
- MATOS, C.A.P, THOMAS, D.L., GIANOLA, D. et al. 1997. Genetic analysis of discrete traits in sheep using linear and nonlinear models. I Estimation of genetic parameters. *J. Anim. Sci.*, 75:76-87.
- MISZTAL, I., GIANOLA, D., FOULLEY, J.L. 1989. Computing aspects of nonlinear method of sire evaluation for categorical data. *J. Dairy Sci.*, 53:643-650.
- MISZTAL, I. *Programs for analysis of mixed linear and threshold models with support for REML- type variance component estimation and maternal grandsire model*. CMMAT2. University of Georgia. Athens, GA. 1989. p16.
- NOTTER, D.R. 1981. Repeatability of conception rate and litter size for ewes in na accelerated lambing system. *J. Anim. Sci.*, 53:643-650.
- OLESEN, I., PEREZ-ENCISO, M., GIANOLA, G. et al. 1994. A comparison of normal and nonnormal mixed models for number of lambs born in Norwegian sheep. *J. Anim. Sci.*, 72:1166-1173.
- PETER, J.G., URIOSTE J.I. 1995. Heritability and sire genetic trend for litter size in swedish sheep estimated with linear and threshold models. *Acta Agric. Scand. Sect. A. Anim. Sci.*, 45:228-235.
- PURSER, A.F. 1965. Repeatability and heritability of fertility in hill sheep. *Anim. Prod.*, 7:75-76.
- RAJAD, M.H. *Simulation of genetic and environmental interactions of three tropical gair sheep breeds for meat production*. Texas: Texas A&M. University, College Station, 1987. Tese (Doutorado) - Texas A&M. University, 1987. 156p.
- SAS. *User's guide: statistics*. SAS Inst. Inc., Cary, NC. 1988.
- SHELTON, M., MENZIES, J.W. 1970. Repeatability and heritability of components of reproductive efficiency in fine-wool sheep. *J. Anim. Sci.*, 30:1-5.
- SOUSA, W. H. de. Genetic and environmental factors affecting growth and reproductive performance of Santa Ines sheep en the semi-arid region of Brazil. Texas: Texas A&M University, College Station, 1987. Tese (Metrado) - Texas A&M University, 1987.
- SOUSA, W.H. *Aplicação de modelos lineares e não lineares em características de reprodução, sobrevivência e crescimento de ovinos deslanados da raça Santa Inês*. Belo Horizonte: Escola de Veterinária da UFMG, 1997. 132p. Tese (Doutorado) - Escola de Veterinária da UFMG, 1997.
- VAN RADEN, P.N. Computational strategies for estimation of variance components. Iowa: Iowa State University, 1986. 112p. Tese (Doutorado) - Iowa State University, 1986.
- VAN VLECK, L.D., GREGORY, K.E., ECHTERKAMP, S.E. 1991. Ovulation rate and twinning rate in cattle: Heritabilities and genetic correlation. *J. Anim. Sci.*, 69:3213-3219.
- WELLER, J. I., EZRA, E., BAR-ANAN, R. 1986. Studies on the model of choice for genetic analysis of calving traits. *J. Dairy Sci.*, 69:124-125.
- WELLER, J.I., RON, M. 1992. Genetic analysis of fertility traits in Israeli Holsteins by linear and threshold models. *J. Dairy Sci.*, 75:2541-2548.

Recebido em 13/07/99

Accepto em 29/06/00