

Tamanho da Cadeia de Gibbs em Análises da Característica Probabilidade de Permanência no Rebanho para a Raça Nelore

Cíntia Righetti Marcondes, João Cláudio do Carmo Paneto*, Josineudson Augusto II V. Silva **, Amanda de Souza Matos *** e Raysildo Barbosa Lôbo ****

Embrapa Amazônia Oriental, CEP 66095-100, Belém-PA, Brasil;

**Universidade de Uberaba - UNIUBE, Uberaba-MG, Brasil;*

***Alta Genetics do Brasil Ltda., Uberaba-MG, Brasil;*

****Aluna do Curso de Medicina Veterinária, UFPA, Castanhal-PA, Brasil;*

*****Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores – ANCP, Ribeirão Preto-SP, Brasil.*

cimarcon@cpatu.embrapa.br

Resumo

O objetivo do presente estudo foi comparar os resultados obtidos de parâmetros e valores genéticos por diferentes tamanhos de cadeia de Gibbs, para a característica probabilidade de permanência no rebanho, na base de dados do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore. No Brasil existem poucos estudos sobre permanência no rebanho para a raça, principalmente utilizando metodologias Bayesianas para a estimação de componentes de (co)variância, de parâmetros genéticos, bem como para a predição de valores genéticos. Dadas as estimativas de herdabilidade em torno de $0,16 \pm 0,03$ e correlação de posto entre touros superior a 98%, conclui-se que o tamanho de cadeia, sob período de descarte conservador, não influencia as estimativas dos componentes e das herdabilidades, nem tão pouco a predição dos valores genéticos dos touros da raça Nelore para a característica de permanência no rebanho.

Palavras-chave: análise Bayesiana, *Bos indicus*, bovino de corte, modelo não linear

Length of Gibbs Chain for Stayability in Nelore Beef Cattle

Abstract

The aim of this study was to compare the obtained results for genetic parameters and breeding values for different lengths of Gibbs chain, in analysis, for the Nelore Genetic Breeding Program. There are a small number of studies on stayability for the Nelore breed in Brazil, specially using Bayesian tools on the estimation of (co)variance components and genetic parameters and on the prediction of breeding values. Given the heritability estimates of 0.16 ± 0.03 and the rank correlation superior to 98%, it was concluded that the length of the chain, under a conservative burn-in period, does not influence the (co)variance components and the heritability estimates, neither the Nelore breeding value predictions for stayability.

Key words: Bayesian, beef cattle, *Bos indicus*, non-linear model

Introdução

Os custos de reposição de novilhas e manutenção de vacas, em sistemas de produção de gado de corte, são altos. Conseqüentemente, a característica permanência no rebanho possui importância econômica e poderia ser incluída em índices de seleção (Paneto et al 2002; Formigoni et al 2005; Bittencourt et. al 2006).

Por tratar-se de característica de limiar ou dicotômica, as metodologias e modelos usuais de avaliação genética dos bovinos de corte, que consideram as distribuições dos dados relacionados às características como normais, não são bem empregadas. Cabe aos pesquisadores buscar formas de análise mais apropriadas e que consigam mostrar a variabilidade genética da característica mais próxima do valor real, já que as metodologias de modelos lineares mistos, sob modelo animal, geralmente resultam em baixas estimativas de herdabilidade, levando-se à conclusão equivocada de que não haveria ganho genético satisfatório na seleção direta para permanência no rebanho (Mwansa et al 2002; Martínez et al 2005).

Para a raça Nelore, no Brasil, existem poucos estudos sobre permanência no rebanho. Paneto et al. (2002) obtiveram a resposta à seleção, considerando o valor econômico do aumento de um por cento na *stayability* igual a US\$0,78. Utilizando Método R e diferentes idades específicas para *stayability* (aos cinco, seis ou sete anos de idade - STAY5, STAY6 e STAY7, respectivamente, para 53.271, 46.011 e 41.517 animais), Silva et al (2003a) obtiveram estimativas de herdabilidade iguais a $0,117 \pm 0,003$; $0,122 \pm 0,004$ e $0,171 \pm 0,005$ para STAY5, STAY6 e STAY7. Em outro estudo, definindo a habilidade de permanência como a probabilidade de uma vaca parir, no rebanho, na idade de seis anos ou depois desta idade, dado que teve uma parição em data anterior, Silva et al (2003b) utilizaram modelo animal e obtiveram estimativa de herdabilidade igual a $0,21 \pm 0,02$. A característica probabilidade de permanência no rebanho foi codificada com valor um para vacas com, pelo menos, três partos até os 76 meses de idade ou valor 0 para que as que tiveram menos de três partos, no estudo de Marcondes et al (2005a). Os autores definiram três partos porque a vaca estaria “pagando” seus custos de cria e cria e 76 meses para que tivesse a chance de parir três vezes, com o primeiro parto em torno de 36 meses. A porcentagem de sucesso (valor 1) observada no estudo foi de 37% e as estimativas de herdabilidade foram de menor magnitude para o modelo linear (0,065) contra 0,158 (modelo de limiar). Quando transformadas para escala normal subjacente, o valor obtido ficou em $0,13 \pm 0,05$, bem

próximo àquele encontrado sob modelo de limiar. Em outro estudo, Marcondes et al (2005b) apresentaram definição alternativa de permanência no considerando os valores 0, 1, 2 e 3, respectivamente, para vacas com menos de três, com três, quatro ou cinco partos até os 76 meses de idade. Concluíram que a definição alternativa possui maior capacidade de detecção da variabilidade genética que a característica padrão, sob modelo linear. Para estudar a existência de efeito de família, bem como a contribuição dos genearcas e ancestrais da raça Nelore para a característica probabilidade de permanência no rebanho, Marcondes et al (2007) consideraram os touros TOP1% (acima de 57,6%) nas análises da genealogia e observaram que dos sete com maiores contribuições genéticas (que somaram 15,3% dos genes), cinco foram da variedade mocha.

O objetivo do presente estudo foi comparar os resultados obtidos por diferentes tamanhos de cadeia de Gibbs (e consequentemente, diferente número de amostras analisadas) para a característica de permanência no rebanho, na base de dados do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, conduzido na Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo.

Material e métodos

O arquivo geral de dados, com vacas nascidas entre 1986 e 1996 em rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (Lôbo et al 2002), continha 54.727 registros de produção. A característica probabilidade de permanência no rebanho padrão foi codificada com valor 1 para vacas com pelo menos três partos até os 76 meses de idade ou valor 0 para as que tiveram menos de três partos. Segundo Formigoni et al (2002), três partos seriam suficientes para cobrir os custos de cria e recria da vaca. Os 76 meses foram considerados para que as vacas tivessem a chance de conseguir três partos, sendo que, em média, o primeiro parto ocorre aos 32 meses de idade.

O grupo de contemporâneos (GC) adotado foi composto por número da fazenda e ano de nascimento da vaca. A análise da consistência dos dados foi realizada por meio do programa *Statistical Analysis System* – SAS (SAS, 2000), considerando-se touros com pelo menos duas filhas dentro do mesmo GC e estes com pelo menos dois touros diferentes. Além disso, foram eliminados grupos com médias 0 ou 1 para *stayability*, isto é, sem variabilidade dentro do grupo de contemporâneos.

Posteriormente, utilizou-se o programa *Multiple-Trait Gibbs Sampler for Animal Models* – MTGSAM, (Van Tassell et al 1998) para característica de limiar, sob modelo unicaráter de touro-avô materno, para obtenção de componentes de (co)variância, estimativas de herdabilidade e soluções para cada touro (que originam as Diferenças Esperadas na Progenie – DEPs -, como médias posteriores). Adotou-se o modelo touro, após tentativas de convergência sob modelo animal, sem sucesso. Esta ocorrência é normal e possui outros relatos na literatura (Moreno et al 1997; Phocas & Laloë 2003). Como os métodos Bayesianos, basicamente, envolvem a resolução de integrais complicadas, a implementação das Cadeias de Markov ou MCMC (entre elas, a Amostragem de Gibbs) é uma solução, embora possam surgir complicações com a convergência das cadeias, problema minimizado quando a distribuição posterior aproxima-se da Normal (Blasco 2001). Segundo Van Vleck (1993), o modelo de touro-avô materno do touro assegura predições mais acuradas dos valores genéticos, quando comparado ao modelo de touro.

Foram testados dois tamanhos de cadeia de Gibbs: 225 mil e 550 mil rodadas, tomadas de amostra a cada 250 rodadas e período de descarte amostral após as 25 mil primeiras rodadas. As análises dos dados das amostras foram realizadas por meio do programa GIBANAL (Van Kaam 1997), sob sistema operacional DOS.

O modelo de limiar usado relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua (Silva et al 2003b). Assumindo que a escala subjacente tem distribuição normal:

$U | \theta \sim N(W\theta, \sigma_e^2)$, em que:

U é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta' = (b', a')$ é o vetor dos parâmetros de locação de ordem s com b (definidos sob ponto de vista freqüentista, como efeitos fixos), e a (como efeito aleatório); W é uma matriz de incidência conhecida de ordem r por s ; I é uma matriz de identidade de ordem r por r ; e σ_e^2 é a variância residual.

De acordo com o enfoque Bayesiano, será assumido que os valores prévios para os efeitos genéticos e os residuais seguem distribuições normais multivariadas:

$p(a | \sigma_a^2) \sim MV(0, A\sigma_a^2)$

$p(e | \sigma_e^2) \sim MV(0, I\sigma_e^2)$, em que:

A é a matriz de parentesco e σ_a^2 é a variância genética aditiva. No caso deste estudo, $1/4$ da σ_a^2 foi estimada pela variância de touro (σ_s^2). Como σ_e^2 não é estimável (Gianola & Foulley 1983), um valor arbitrário deve ser atribuído. Conforme sugerido por Silva et al (2003b), atribuiu-se o valor 1.

Após a definição dos parâmetros do modelo, o encadeamento entre as duas escalas (categórica e contínua) pode ser estabelecido inequivocamente, com a contribuição da probabilidade de uma observação que cai na primeira categoria sendo proporcional a

$P(y_v = 0 | t, \theta) = P(U_v < t | t, \theta) = \Phi((t - w'_v \theta) / \sigma_e)$, em que:

y_v é a variável resposta para a v -ésima observação, tomando valores 0 ou 1 se a observação pertence a primeira ou segunda categoria, respectivamente; t é o valor do limiar que, por não ser estimável, será fixado um valor arbitrário; U_v é o valor da variável subjacente para a

mencionada observação; φ é a função de distribuição cumulativa de uma variável normal padrão; e w'_v é um vetor coluna de incidência que une θ à v -ésima observação. Por serem as observações condicionalmente independentes dado θ , a função de verossimilhança será definida pelo produto das contribuições de cada registro.

De acordo com a inferência Bayesiana, o produto da distribuição anterior pela função de verossimilhança é proporcional à distribuição posterior conjunta de θ e σ^2_s . Foram então obtidas as distribuições posteriores marginais dos parâmetros usando a amostragem de Gibbs (Gelfand & Smith 1990).

Por tratar-se de análise unicaráter, as relações entre as variâncias estimadas sob modelo touro-avô materno foram: variância genética aditiva considerada como $4\sigma^2_s$, a variância ambiental fixa com valor 1, a variância fenotípica como a soma de $(\sigma^2_s + \frac{1}{4}\sigma^2_s)$ ao valor arbitrário um (1) e, conseqüentemente, a herdabilidade estimada sob modelo touro como sendo a porção herdável da variância total existente.

Correlações entre classificações para as DEPs (correlação de posto ou correlação de Spearman) foram obtidas pelo procedimento CORR, opção spearman do SAS®.

Resultados e discussão

A porcentagem de sucesso (valor 1) foi 37% no arquivo de dados estudado, sendo que os resultados obtidos encontram-se sumarizados nas Tabelas 1, 2 e 3. Baixas correlações seriais puderam ser observadas nas duas análises (Tabela 1).

Tabela 1. Número de observações (N), tamanho de cadeia de Gibbs (Cadeia), período de descarte amostral (Descarte), intervalo amostral (Amostragem), número total de amostras (Total de amostras) e correlação serial para amostras da variância de touro (σ^2_s)

N	Cadeia	Descarte	Amostragem	Total de amostras	Correlação serial (σ^2_s)
28959	225 mil	25 mil	250	800	0,058
	550 mil	25 mil	250	2100	0,066

As estimativas dos componentes de variância do touro foram praticamente iguais quando comparadas com as medianas (0,0416 e 0,0417, respectivamente para cadeia de 225 mil e de 550 mil rodadas). Os valores das estimativas de herdabilidade foram, considerando-se a mediana das análises, iguais a $0,16 \pm 0,03$ (Tabela 2).

Tabela 2. Tamanho da cadeia de Gibbs (Cadeia), Total de amostras (Amostras), média (Me), moda (Mo), mediana (Med), valores mínimos (Min) e máximos (Max) da variância de touro (σ^2_s) e da estimativa de herdabilidade (h^2t) para *stayability*

Cadeia	Amostras	Variância de touro (σ^2_s)*					Herdabilidade (h^2t)**				
		Me	Mo	Med	Min	Max	Me	Mo	Med	Min	Max
225 mil	800	4,24	3,92	4,16	2,00	8,00	16,09	14,85	15,83	7,80	29,00
550 mil	2100	4,23	4,19	4,17	1,80	8,00	16,03	15,87	15,87	7,00	29,10

*valores multiplicados por 100; **valores em porcentagem

As regiões de credibilidade a 95% para a estimativa de herdabilidade foram diferentes entre as análises (Tabela 3), tendo amplitudes maiores (diferença entre o valor mínimo e o valor máximo) para o tamanho de cadeia com 550 mil rodadas.

Tabela 3. Tamanho de cadeia de Gibbs (Cadeia), Total de amostras (Amostras) e Região de Credibilidade a 95% para variância de touro (σ^2_s) e para a estimativa de herdabilidade (h^2t)

Cadeia	Amostras	Região de Credibilidade a 95% para σ^2_s *	Região de Credibilidade a 95% para h^2t **
225 mil	800	2,73 a 6,19	10,56 a 22,98
550 mil	2100	1,72 a 8,07	6,71 a 29,38

*valores multiplicados por 100; **valores em porcentagem

Os gráficos com as distribuições posteriores foram elaborados a partir das saídas do *software* GIBANAL, as quais fornecem as densidades marginais posteriores para o componente de touro (Figura 1).

O que pode ser observado na Figura 1 é que as distribuições posteriores das estimativas de herdabilidade são semelhantes graficamente, apresentando inclusive mais de uma moda, no entanto, a análise com implementação 225 mil/25 mil/250 (Figura 1, a) apresenta modas mais próximas que aquelas exibidas na implementação 550 mil/25 mil/250 (Figura 1, b).

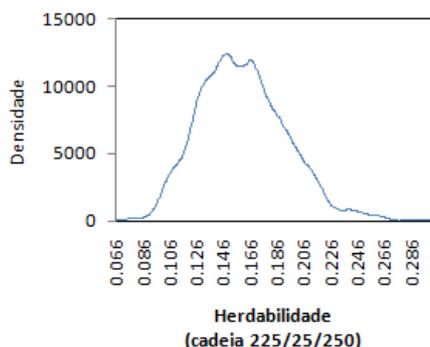


Figura 1a. Distribuições posteriores das estimativas de herdabilidade para tamanho de cadeia igual a 225 mil

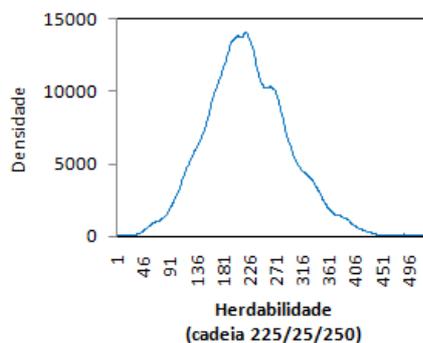


Figura 1b. Distribuições posteriores das estimativas de herdabilidade para tamanho de cadeia igual a 550 mil

As análises das amostras pelo programa GIBANAL, em relação à tomada de amostra, mostraram que a cadeia com 225 mil ciclos não necessitaria de outro período de descarte, tão pouco de outra estratégia de tomada de amostra (a cada dois ciclos, por exemplo), tanto para a variância de touro quanto para a herdabilidade. Para a cadeia com 550 mil ciclos, no entanto, o programa mostrou que a retirada dos cinco primeiros ciclos e uma tomada de amostra a cada dois ciclos seria mais eficiente, tanto para a variância de touro quanto para a herdabilidade. Com isso, os valores estimados foram ligeiramente alterados e apresentados na Tabela 4, incluindo o desvio-padrão fornecido pelo programa. Analisando-se as correlações seriais entre amostras, baixas nos dois tamanhos de cadeia estudados, pode-se considerar que as convergências foram atingidas.

Tabela 4. Total de amostras (Amostras), média (Me), moda (Mo), mediana (Med), valores mínimos (Min), máximos (Max) e desvio-padrão (Dp) da variância de touro (σ^2_s) e da estimativa de herdabilidade (h^2_t) para permanência no rebanho com 550 mil ciclos, após teste de convergência no programa GIBANAL

Amostras	Variância de touro (σ^2_s)*						Herdabilidade (h^2_t)**					
	Me	Mo	Med	Min	Max	Dp	Me	Mo	Med	Min	Max	Dp
2096	4,23	4,24	4,18	2,10	7,70	0,90	16,03	16,13	15,89	8,20	28,00	3,20

* valores multiplicados por 100; **valores em porcentagem

Ainda com o objetivo de estudar diferentes implementações sobre a característica de probabilidade de permanência no rebanho, testou-se a implementação de Silva et al (2003b): 2203000/3000/4000 (respectivamente, tamanho da cadeia de Gibbs, período de descarte amostral e tomada de amostra). A análise requereu 18 dias de tempo de processamento e resultou em variância de touro igual a $0,04 \pm 0,01$ e herdabilidade de $0,16 \pm 0,03$, praticamente os mesmo valores obtidos com os diferentes períodos de descarte adotados neste trabalho, os quais levam cerca de um dia (para cadeia de 225 mil) ou quatro dias (para cadeia de 550 mil) em processamento.

As estimativas de herdabilidade, obtidas por Silva et al (2003b) foram semelhantes ($0,21 \pm 0,02$) aos deste estudo, ainda que tenha sido adotado o modelo touro-avô materno, o qual em situações de maior pressão de seleção sobre os machos tende a subestimar a herdabilidade (Visscher & Thompson 1990). No entanto, Silva et al (2003b) definiram a habilidade de permanência como a probabilidade de uma vaca parir, no rebanho, na idade de seis anos ou depois desta idade, dado que ela teve uma parição em data anterior. O estabelecimento de definição semelhante, na base de dados de estudo não se faz possível, principalmente em relação às diferenças existentes no manejo reprodutivo das cerca de 200 fazendas participantes.

As Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos 4.180 touros foram previstas para os dois tamanhos de cadeia testados. A Tabela 5 apresenta as DEPs médias, mínimas e máximas, com valores praticamente iguais nas duas análises. A correlação de *rank* foi superior a 98%, havendo pouca alteração na classificação dos touros.

Tabela 5. Média, desvio-padrão, mínimo e máximo das DEPs (Diferenças Esperadas na Progênie) de 4.180 touros avaliados

Cadeia	Média	Desvio-padrão	Mínimo (%)	Máximo (%)
225 mil	0,0058	0,060	-0,3233	0,3488
550 mil	0,0058	0,060	-0,3234	0,3493

Conclusão

- O tamanho de cadeia empregado nas análises, sob período de descarte amostral conservador, não influencia as estimativas dos componentes e dos parâmetros genéticos, tão pouco a predição dos valores genéticos dos touros da raça Nelore para a característica de permanência no rebanho. No entanto, deve-se preferir trabalhar com um número maior de amostras, adotando-se para a base de dados de estudo a implementação 550mil/25mil/250.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao apoio financeiro do PRONEX, FAPESP, CNPq, FINEP, ANCP, FAEPA e aos criadores do PMGRN.

Referências bibliográficas

- Bittencourt T C C, Lôbo R B and Bezerra L A F 2006** Objetivos de seleção para sistemas de produção de gado de corte a pasto: derivação de ponderadores econômicos. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. 58(2): 196-204. <http://www.scielo.br/pdf/abmvz/v58n2/29661.pdf>
- Blasco A 2001.** The Bayesian controversy in animal breeding. Journal of Animal Science. 79: 2023-2046.
- Formigoni I B, Silva J A II V, Brumatti R C, Ferraz J B and Eler J P** Economic aspects of stayability as selection criterion in beef cattle industry in Brazil. In: World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, 7., 2002, Montpellier. Proceedings... Montpellier, 2002. CD-ROM.
- Formigoni I B, Ferraz J B, Silva J A II V, Eler J P and Brumatti R C 2005** Valores econômicos para habilidade de permanência e probabilidade de prenhez aos 14 meses em bovinos de corte. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. 57: 220-226 (Suppl. 2). <http://www.scielo.br/pdf/abmvz/v57s2/28325.pdf>
- Gelfand A E and Smith A F M 1990** Sampling based approaches to calculating marginal densities. Journal of American Statistician Association. 85: 398-409.
- Gianola D and Foulley J L 1983** Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. Genetic Selection Evolution. 15: 201-224.
- Lôbo R B, Bezerra L A F, Oliveira H N, Magnabosco C de U, Freitas M A R and Bergmann J A G 2002** Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes. Ribeirão Preto, USP/ FMRP/ GEMAC/ Departamento de Genética, 76p.
- Marcondes C R, Paneto J C C, Silva J II V, Oliveira H N and Lôbo R B 2005a** Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. 57(2): 234-240. <http://www.scielo.br/pdf/abmvz/v57n2/a16v57n2.pdf>
- Marcondes C R, Paneto J C C, Bezerra L A F and Lôbo R B 2005b** Estudo de definição alternativa da probabilidade de permanência no rebanho para a raça Nelore. Revista Brasileira de Zootecnia. 34(5): 1563-1567. <http://www.revistasbz.org.br/scripts/revista/sbz1/Artigos/4371.PDF>
- Marcondes C R, Vozzi P A, Araújo R O, Glória W P and Lôbo R B 2007** Contribuição dos efeitos de genearcas e de famílias sobre a probabilidade de permanência em rebanhos da raça Nelore. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. 59: 977-982. <http://www.scielo.br/pdf/abmvz/v59n4/25.pdf>
- Martínez G E, Koch R M, Cundiff L V, Gregory K E, Kachman S D and Van Vleck L D 2005** Genetic parameters for stayability, stayability at calving, and stayability at weaning to specified ages for Hereford cows. Journal of Animal Science. 83: 2033-2042.
- Moreno C, Sorensen D, Garcia-Cortés L A, Sorensen D, Varona L and Altarriba J 1997** On biased inferences about variance components in the binary threshold model. Genetic Selection Evolution. 29: 145-160.
- Mwansa P B, Crews D H Jr, Wilton J W and Kemp R A 2002** Multiple trait selection for maternal productivity in beef cattle. Journal of Animal Breeding and Genetics. 119: 391-399.
- Paneto J C C, Silva J A II V, Bezerra L A F and Lôbo R B 2002** Expected response to selection on stayability and its economic weight in a population of Nelore cattle in Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier – France. Proceedings.... Montpellier: France, 2002. Section 2, Communication 02-67 (CD-ROM).
- Phocas F and Laloë D 2003** Evaluation models and genetic parameters for calving difficulty in beef cattle. Journal of Animal Science. 81: 933-938.
- SAS. Statistical Analysis System. [DRAFT] 8.02 versão para Windows, Cary: SAS Institute, 2000.**
- Silva J A II V, Eler J P, Ferraz J B S, Golden B L and Oliveira H N 2003a** Heritability estimate for stayability in Nelore cows. Livestock Production Science. 79(1): 97-101.
- Silva J A II V, Eler J P, Ferraz J B S and Oliveira H N 2003b** Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. Revista Brasileira de Zootecnia 32(3): 598-604. <http://www.revistasbz.org.br/scripts/revista/sbz1/Artigos/3810.PDF>
- Van Kaam J B C H M 1997** GIBANAL: Analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences version 2.3.
- Van Tassell C P, Van Vleck L D and Gregory K E 1998** Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a Multiple-Trait Threshold Model and Gibbs Sampling. Journal of Animal Science. 76: 2048-2061.
- Van Vleck L D 1993** Relationships from sires and maternal grandsires of males. In: Selection index and introduction to mixed model methods for genetic improvement of animals, the green book. CRC Press, Boca Raton-USA, p. 298.
- Visscher P M and Thompson R 1990** REML estimates of parameters for fat yield in pedigree herds in the UK using an individual animal model: male and female heritability estimates. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 4, 1990, Edinburgh – Scotland. Proceedings.... Edinburgh: Scotland, 1990, v. XIV, p. 233.

Received 29 September 2008; Accepted 26 July 2009; Published 5 August 2009

[Go to top](#)