

# ANÁLISIS UNIVARIADO VS MULTIVARIADO EN LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE VARIABLES DE CRECIMIENTO EN DOS RAZAS BOVINAS

## UNIVARIATE VS MULTIVARIATE ANALYSES IN GENETIC EVALUATION OF GROWTH TRAITS IN TWO CATTLE BREEDS

Rodolfo Ramírez-Valverde, O. César Hernández-Alvarez, Rafael Núñez-Domínguez, Agustín Ruíz-Flores y J. Guadalupe García-Muñiz

Producción Animal. Universidad Autónoma Chapingo. 56230. Chapingo, Estado de México.  
(rafael.nunez@correo.chapingo.mx)

### RESUMEN

La predicción de valores genéticos de los animales para variables con selección secuencial requiere identificar modelos estadísticos que maximicen la respuesta a la selección. El objetivo del presente trabajo fue comparar el uso de análisis univariados y multivariados de variables de crecimiento en la evaluación genética de bovinos Angus y Tropicarne. Las variables analizadas fueron los pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA), procedentes de los registros genealógicos (n=9933) y productivos de la Asociación Angus Mexicana, y la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Tropicarne (n=5724). Las evaluaciones genéticas se realizaron utilizando el Modelo Animal, con análisis univariados y bivariados en ambas poblaciones, y trivariados en Tropicarne. Los criterios de comparación fueron: magnitud de los estimadores de parámetros genéticos, habilidad de predicción de los modelos, y tamaño de la exactitud de los valores genéticos predichos para PN, PD, leche y PA; además se evaluó el efecto de la alternativa de análisis en la jerarquización de los animales. Para algunas variables la utilización de análisis bivariados mejoró la estimación de las heredabilidades directas y maternas, la exactitud de las predicciones de los valores genéticos, y la habilidad de predicción de los modelos, pero no se observaron ventajas al usar trivariados. El uso de análisis multivariados con respecto a univariados cambió la jerarquización de los animales en casi todas las variables, lo que sugiere la necesidad de evaluar la alternativa de análisis más apropiada para la población y variables específicas. En Angus se recomienda análisis individual para PN, y bivariado para PD y PA; mientras que en Tropicarne, para PN se recomienda análisis bivariado de PN y PD, y para PD y PA el análisis bivariado de ambas.

**Palabras clave:** Análisis univariado y multivariado, Angus, bovinos para carne, parámetros genéticos, Tropicarne, valor genético.

### ABSTRACT

The prediction of genetic values of animals for variables with sequential selection requires the identification of statistical models that maximize the response to selection. The objective of the present study was to compare the use of univariate and multivariate analyses of growth variables in the genetic evaluation of Angus and Tropicarne cattle. The variables analyzed were the weights at birth (BW), at weaning (WW) and at one year (YW), obtained from the genealogical (n=9933) and productive records of the Asociación Angus Mexicana, and the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Tropicarne (n=5724). The genetic evaluations were carried out using an Animal Model, with univariate and bivariate analyses in both populations, and trivariate analysis in Tropicarne. The comparison criteria were: magnitude of the estimators of genetic parameters, prediction ability of the models, and size of the accuracy of the genetic values predicted for BW, WW, milk and YW; in addition, the effect of the alternatives of analysis in the ranking of animals was evaluated. For some variables, the use of bivariate analyses improved the estimation of the direct and maternal heritabilities, the accuracy of the predictions of the genetic values, and the prediction ability of the models, but no advantages were observed when using trivariate analyses. The use of multivariate analysis with respect to univariate analysis changed the ranking of animals in nearly all of the variables, which suggests the need to evaluate the most appropriate alternative of analysis for population and specific variables. In Angus, individual analysis is recommended for BW, and bivariate analysis for WW and YW; whereas in Tropicarne, for BW, bivariate analysis of BW and WW is recommended, and for WW and YW, the bivariate analysis of both traits.

**Key words:** Univariate and multivariate analyses, Angus, beef cattle, genetic parameters, Tropicarne, genetic value.

### INTRODUCTION

In beef cattle breeding, the traits associated with growth, such as birth weight (BW), weaning weight (WW), and yearling weight (YW), are important

## INTRODUCCIÓN

En el mejoramiento genético de bovinos para carne las características asociadas al crecimiento, como los pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA), son importantes para la eficiencia de los sistemas de producción y se consideran en los criterios de selección. Un problema de la evaluación genética de estas variables es que el criador generalmente practica eliminación secuencial de animales, reportando selectivamente la información de algunas variables, lo que puede provocar una estimación sesgada de los parámetros genéticos (Jensen y Mao, 1991; Mallinckrodt *et al.*, 1995) y de los valores genéticos predichos (Pollak y Quaas, 1981; Henderson, 1984).

Los análisis multivariados mediante el modelo animal se han recomendado para realizar evaluaciones genéticas de animales (Henderson y Quaas, 1976), ya que pueden mejorar la exactitud de la evaluación y consecuentemente la respuesta a la selección, pudiendo eliminar o reducir el sesgo en la evaluación debido a la selección aplicada a ciertas variables (Pollak *et al.*, 1984; Schaeffer, 1984). Sin embargo, debido al incremento en la demanda computacional de estos análisis, frecuentemente se realizan análisis univariados (Villanueva *et al.*, 1993). Además, el uso del análisis multivariado incrementa el número de (co)varianzas a estimar y, con número reducido y estructura desbalanceada de datos, puede dificultar su estimación precisa (Henderson, 1984; Meyer *et al.*, 1993).

Aunque se han demostrado ventajas al utilizar análisis multivariados con respecto a univariados, mediante comparaciones con métodos analíticos o de simulación, los resultados usando datos de campo en poblaciones comerciales de bovinos para carne han sido variables (Eler *et al.*, 1995; Bennett y Gregory, 1996; Lee *et al.*, 2000).

En México, recientemente se implementaron evaluaciones genéticas de bovinos para carne usando poblaciones representativas de una misma raza. Tropicarne es la primer raza mexicana de bovinos para carne (SAGAR, 1996) adaptada a ambientes tropicales. La raza Angus se distingue por producir carne de buena calidad y por la precocidad, fertilidad y habilidad materna de la vacas (Gregory *et al.*, 1992). En estas razas hay reporte selectivo de información para características de crecimiento; por tanto, se requiere determinar la conveniencia de usar análisis multivariados o univariados en la predicción de valores genéticos. Por tanto, el objetivo del presente estudio fue comparar el análisis conjunto con el análisis individual de variables de crecimiento (PN, PD y PA) en la evaluación genética de poblaciones mexicanas de bovinos Tropicarne y Angus.

for the efficiency of production systems and are considered in the selection criteria. One problem of the genetic evaluation of these variables is that the breeder generally practices sequential elimination of animals, and selectively reports the information of some variables, which can cause a biased estimation of the genetic parameters (Jensen and Mao, 1991; Mallinckrodt *et al.*, 1995) and of the predicted genetic values (Pollack and Quaas, 1981; Henderson, 1984).

Multivariate analyses by means of the animal model have been recommended for carrying out genetic evaluations of animals (Henderson and Quaas, 1976), because they can improve the accuracy of the evaluation and consequently the selection response, making it possible to eliminate or reduce the bias in the evaluation due to the applied selection of certain variables (Pollak *et al.*, 1984; Schaeffer, 1984). However, due to the increase in computational demand of these analyses, univariate analyses are often performed (Villanueva *et al.*, 1993). Furthermore, the use of multivariate analyses increases the number of (co)variances to be estimated, and with a reduced number and unbalanced structure of data, can make their precise estimation difficult (Henderson, 1984; Meyer *et al.*, 1993).

Although advantages have been demonstrated for the use of multivariate with respect to univariate analysis, through comparisons with analytical or simulation methods, the results using field data in commercial populations of beef cattle have been variable (Eler *et al.*, 1995; Bennett and Gregory, 1996; Lee *et al.*, 2000).

In México, genetic evaluations of beef cattle were recently implemented using representative populations of the same breed. Tropicarne is the first Mexican breed of beef cattle (SAGAR, 1996) adapted to tropical environments. The Angus breed is distinguished for producing high quality meat and for precocity, fertility and maternal ability of the cows (Gregory *et al.*, 1992). In these breeds, there is a selective reporting of information for growth traits, thus it is essential to determine the convenience of using multivariate or univariate analyses in the prediction of genetic values. Therefore, the objective of the present research was to compare the joint analysis with the individual analysis of growth variables (BW, WW, YW) in the genetic evaluation of Mexican populations of Tropicarne and Angus cattle.

## MATERIALS AND METHODS

### Origin of the information

The information of the Tropicarne cattle came from the data base of the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Tropicarne,

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Origen de la información

La información del ganado Tropicarne provino de la base de datos de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Tropicarne, y en específico los registros de comportamiento son de dos ranchos ubicados en la región tropical de los municipios de Ozuluama y Tampico Alto, Veracruz, de la Huasteca Veracruzana. Esta asociación registra los antecedentes genealógicos de los animales, la identificación del animal de acuerdo con el propietario, el número de registro del animal, las características de tipo de acuerdo con el patrón racial, y las características de crecimiento con base en el peso vivo a diferentes edades. La alimentación del ganado es con base en pastoreo sin suplemento. Información adicional sobre el manejo del ganado Tropicarne fue publicada por Domínguez-Viveros *et al.* (2003).

La información del ganado Angus provino de la base de datos de la Asociación Angus Mexicana y específicamente de los registros de comportamiento de 34 ranchos localizados en los siguientes Estados: Chihuahua (6), Coahuila (1), Durango (1), Guanajuato (5), Jalisco (11), Nayarit (1), Querétaro (1), San Luis Potosí (2), y Zacatecas (6). La alimentación del ganado es principalmente con pastoreo extensivo en agostaderos de zonas áridas y semiáridas. Los becerros se destetan en promedio a los 217 d; 70% de los partos se concentran en los primeros seis meses del año, 65% provienen de monta natural.

### Descripción de los análisis univariados y multivariados

El PD para el ganado Tropicarne y Angus se ajustó a 240 y 205 d. Las épocas de nacimiento se definieron considerando la distribución de precipitación y temperatura mensual a través de los años en las estaciones climatológicas más cercanas a cada rancho (SMN, 2004). Los grupos contemporáneos se formaron combinando los efectos de año y época de nacimiento, rancho de origen y sexo de la cría; la conexión entre estos grupos se determinó usando el programa Milc. for (Fries, 1998). En el Cuadro 1 está el número de animales en el pedigrí, animales con registros productivos, grupos contemporáneos y estadísticos descriptivos de las variables analizadas en ambas razas.

Los resultados obtenidos en los análisis univariados se basaron en la selección de los modelos con mejor ajuste para cada variable y raza, usando una prueba de ji-cuadrada, según la metodología descrita por Domínguez-Viveros *et al.* (2003), partiendo del modelo completo:

$$y = Xb + Zg + Mm + Wp + e$$

donde,  $y$  es el vector de registros de comportamiento para cada variable de crecimiento;  $b$  es el vector de efectos fijos, incluyendo los grupos contemporáneos y las covariables lineal y cuadrática de edad de la vaca (para Tropicarne se consideró también la heterosis promedio de crías y madres);  $g$  es el vector de valores genéticos aditivos directos;  $m$  es el vector de valores genéticos aditivos maternos;  $p$  es el vector de efectos de ambiente permanente de la vaca;  $e$  es el

and specifically, the performance records are from two ranches located in the tropical region of the municipalities of Ozuluama and Tampico Alto, Veracruz, in the Huasteca Veracruzana. This association records the pedigree information, the animal identification according to the owner, the animal registration number, the type traits according to the breed pattern, and the growth traits based on the live weight at different ages. Cattle feeding are based on unsupplemented grazing. Additional information on the management of Tropicarne cattle was published by Domínguez-Viveros *et al.* (2003).

The information of the Angus cattle came from the data base of the Asociación Angus Mexicana, and specifically from the performance records of 34 ranches located in the following States: Chihuahua (6), Coahuila (1), Durango (1), Guanajuato (5), Jalisco (11), Nayarit (1), Querétaro (1), San Luis Potosí (2), and Zacatecas (6). Cattle feeding are mainly extensive grazing in grasslands of arid and semi-arid zones. The calves are weaned on the average at 217 d; 70% of the births are concentrated in the first six months of the year, 65% are out of natural matings.

### Description of the univariate and multivariate analyses

The WW for Tropicarne and Angus cattle was adjusted to 240 and 205 d. The birth seasons were defined considering the distribution of monthly precipitation and temperature through the years in the climatological stations that were closest to each ranch (SMN, 2004). The contemporary groups were formed combining the effects of year and birth season, ranch of origin and sex of the calf; the connectivity among these groups was determined using the Milc. for program (Fries, 1998). In Table 1 it is shown the number of animals

**Cuadro 1. Estadísticos descriptivos para pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA) en Angus y Tropicarne.**  
**Table 1. Descriptive statistics for birth weight (BW), weaning weight (WW) and yearling weight (YW) in Angus and Tropicarne cattle.**

Concepto	Raza Angus	Tropicarne
Animales en el pedigrí	9933	5724
PN		
Registros	1155	4910
Machos	586	2292
Hembras	569	2618
Grupos contemporáneos	102	237
Promedio ± desviación estándar (kg)	33.5 ± 4.3	35.1 ± 2.4
PD		
Registros	757	4653
Machos	401	2149
Hembras	356	2504
Grupos contemporáneos	59	228
Promedio ± desviación estándar (kg)	222.3 ± 45.6	210.8 ± 33.2
PA		
Registros	457	2853
Machos	287	726
Hembras	170	2127
Grupos contemporáneos	34	184
Promedio ± desviación estándar (kg)	351.7 ± 71.1	257.6 ± 43.2

vector de efectos residuales; y  $X$ ,  $Z$ ,  $M$  y  $W$  son las matrices de incidencia que asocian a los vectores correspondientes con  $y$ .

$$E[y]=Xb, E[g]=E[m]=E[p]=E[e]=0, y$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} g \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_g^2 & A\sigma_{g,m} & 0 & 0 \\ A\sigma_{g,m} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_c\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

donde,  $c$  es el número de vacas;  $N$  es el número de animales con registros;  $A$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales;  $I$  es una matriz identidad del orden especificado.

En Angus el modelo seleccionado para PN incluyó los efectos genéticos aditivos directo y materno, más la covarianza entre ellos; para PD fue similar al de PN, pero sin la covarianza; y para PA sólo incluyó el efecto genético aditivo directo. En Tropicarne el modelo seleccionado para PN y PA incluyó los efectos genéticos aditivos directo y materno; y para PD se incluyó además el efecto de ambiente permanente.

Para los análisis multivariados se consideraron los efectos de los modelos seleccionados en los análisis univariados, adicionando sólo las covarianzas entre variables para los efectos genéticos directos, genéticos maternos y residuales; es decir, no se incluyeron covarianzas cruzadas entre efectos genéticos directos y maternos. Debido a la cantidad de información disponible (457, 757 y 1155 registros de PN, PD y PA), el análisis trivariado sólo se realizó en Tropicarne. Pero no se observaron ventajas al usar estos análisis en comparación con los bivariados y dado el incremento en el número de (co)varianzas a estimar con precisión (Meyer *et al.*, 1993), sólo se muestran los resultados de los análisis bivariados.

Los análisis estadísticos para estimar los parámetros genéticos y predecir los valores genéticos (y sus exactitudes) de los animales para PN, PD, leche (L) y PA, se realizaron con el programa de máxima verosimilitud restringida, sin el uso de derivadas y multivariado (MTDFREML, Boldman *et al.*, 1995).

**Comparación entre análisis univariados y multivariados**

Los criterios para comparar los resultados de los análisis univariados y multivariados en cada raza fueron los siguientes.

**Parámetros genéticos**

Se comparó la magnitud de los estimadores de la heredabilidad.

**Habilidad de predicción**

Un criterio importante en la selección de modelos, es su habilidad de predicción mediante métodos como la validación cruzada, que consiste en omitir aleatoriamente una porción de datos, ajustar el modelo a los datos remanentes y probar su ajuste en la porción de

in the pedigree, animals with productive records, contemporary groups and descriptive statistics of the variables analyzed in both breeds.

The results obtained in the univariate analyses were based on the selection of the models with best fit for each variable and breed, using a ji-squared test, according to the methodology described by Domínguez-Viveros *et al.* (2003), starting from the complete model:

$$y=Xb+Zg+Mm+Wp+e$$

where  $y$  is the vector of performance records for each growth trait;  $b$  is the vector of fixed effects, including the contemporary groups and the linear and quadratic covariables of age of cow (for Tropicarne, the average heterosis of calves and dams was also considered);  $g$  is the vector of direct additive genetic values;  $m$  is the vector of maternal additive genetic values;  $p$  is the vector of permanent environmental effects of the cow;  $e$  is the vector of residual effects; and  $X$ ,  $Z$ ,  $M$  and  $W$  are the incidence matrices that associate the corresponding vectors with  $y$ .

$$E[y]=Xb, E[g]=E[m]=E[p]=E[e]=0, \text{ and}$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} g \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_g^2 & A\sigma_{g,m} & 0 & 0 \\ A\sigma_{g,m} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_c\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

where,  $c$  is the number of cows;  $N$  is the number of animals with records;  $A$  is the matrix of additive genetic relationships among the animals;  $I$  is an identity matrix of the specified order.

In Angus, the model selected for BW included the direct and maternal additive genetic effects, plus the covariance among them; for WW, it was similar to that of BW, but without the covariance; and for YW, it only included the direct additive genetic effect. In Tropicarne, the model selected for BW and YW included the direct and maternal additive genetic effects; and for WW the permanent environment effect was also included.

For the multivariate analyses, the effects of the models selected in the univariate analyses were considered, adding only the covariances among the variables for the direct genetic, maternal genetic, and residual effects; that is, cross covariances were not included among direct and maternal genetic effects. Due to the amount of available information (1155, 757 and 457 records of BW, WW and YW), the trivariate analysis was only carried out in Tropicarne. However, no advantages were observed while using these analyses with respect to the bivariate, and given the increase in the number of (co)variances to be accurately estimated (Meyer *et al.*, 1993), only the results of the bivariate analyses are shown.

The statistical analyses for estimating the genetic parameters and predicting the genetic values (and their accuracies) of the animals for BW, WW, milk (M) and YW, were carried out with the multiple trait derivative free restricted maximum likelihood program (MTDFREML, Boldman *et al.*, 1995).

datos omitidos (Shao, 1993). En este estudio, la comparación de modelos univariados contra multivariados se realizó mediante validación cruzada, con base en la correlación (SAS, 2001) de los valores genéticos predichos (usando las (co)varianzas estimadas para toda la población) provenientes de dos muestras: la primera con la mitad de los registros de cada variable a considerar tomados aleatoriamente, y la segunda con los registros remanentes. De acuerdo con el procedimiento mencionado, se generaron tres repeticiones y las correlaciones que se presentan son su promedio.

Los estimadores de los coeficientes de correlación proporcionan información comparativa del comportamiento predictivo de los modelos, lo que es útil para su jerarquización. Así, una mayor correlación entre muestras complementarias implica una mayor estabilidad del modelo para obtener soluciones de los valores genéticos de los animales con registros eliminados (Ramírez-Valverde *et al.*, 2001).

#### Exactitudes de los valores genéticos predichos

El tercer criterio fue comparar los promedios de la exactitud de los valores genéticos. Exactitud es la correlación entre el valor genético predicho y el valor genético verdadero, y se estima como:

$$\sqrt{1 - \frac{\text{varianza del error de predicción}}{\text{varianza genética aditiva}}}$$

#### Efecto de la alternativa de análisis en la jerarquización de animales

Con base en los criterios anteriores se seleccionó la alternativa de análisis más apropiada para cada característica. Para PD, dado que los valores genéticos para leche se estiman indirectamente, la alternativa de análisis más apropiada se eligió considerando los efectos directos de esta característica. Para evaluar el efecto de la alternativa de análisis en la jerarquización de los valores genéticos predichos de los animales, se usaron los procedimientos siguientes: a) correlaciones simples entre los valores genéticos predichos con la alternativa de análisis más apropiada y los valores con cada una de las alternativas adicionales, para las variables respectivas; b) porcentaje de coincidencia del 20% superior de los animales ordenados con respecto a los valores genéticos predichos usando la alternativa de análisis más apropiada y los ordenados con las otras alternativas; c) promedio de los valores genéticos predichos con la alternativa de análisis más apropiada, para el 20% superior de los animales, ordenados de acuerdo con cada alternativa dentro de característica.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Comparación entre análisis univariados y bivariados

#### Parámetros genéticos

Los estimadores de heredabilidad directa ( $h_g^2$ ) y materna ( $h_m^2$ ), para las razas y sus variables de crecimiento

#### Comparison between univariate and multivariate analyses

The criteria for comparing the results of the univariate and multivariate analyses in each breed were as follows:

#### Genetic parameters

A comparison was made of the magnitude of the estimators of heritability.

#### Prediction ability

An important criterion in the selection of models, is the prediction ability through methods such as cross validation, which consists of randomly omitting a portion of data, fitting the model to the remaining data and testing its fit in the portion of omitted data (Shao, 1993). In this study, the comparison of univariate models against multivariate models was carried out through cross validation, based on the correlation (SAS, 2001) of the predicted genetic values (using the (co)variances estimated for all the population) from two samples: the first with half of the records of each variable to be considered, taken randomly, and the second with the remaining records. According to the abovementioned procedure, three replicates were generated and the correlations that are presented are their average.

The estimators of the correlation coefficients provide comparative information of the predictive performance of the models, which is useful for their ranking. Thus, a higher correlation among complementary samples implies a better model stability for obtaining solutions of the genetic values of the animals with eliminated records (Ramírez-Valverde *et al.*, 2001).

#### Accuracy of the predicted genetic values

The third criterion was to compare the averages of the accuracies of the genetic values. Accuracy is the correlation between the predicted and the true genetic value, and is estimated as:

$$\sqrt{1 - \frac{\text{prediction error variance}}{\text{additive genetic variance}}}$$

#### Effect of the analysis alternative in the ranking of animals

Based on the above criteria, the analysis alternative was selected that was most appropriate for each trait. For WW, given that the genetic values for milk are estimated indirectly, the most appropriate analysis alternative was selected considering the direct effects of this trait. To evaluate the effect of the analysis alternative in the ranking of the animals' predicted genetic values, the following procedures were used: a) simple correlations among the predicted genetic values with the most appropriate analysis alternative and the values with each one of the additional alternatives, for the respective variables; b) percentage of coincidence of the upper 20% of the animals ordered with respect to the genetic values predicted using

estudiadas, mostraron magnitudes similares en ambos tipos de análisis (Cuadro 2).

En Angus, al cambiar de análisis univariados a bivariados las  $h_g^2$  para PN, PD o PA variaron ligeramente (menos de 0.03 unidades), mientras que la variación en las  $h_m^2$  para PN y PD fue aún menor. En Tropicarne, las  $h_g^2$  y  $h_m^2$  para PN se mantuvieron prácticamente sin cambios; mientras que para PD y PA se observaron aumentos pequeños (menos de 0.05 unidades) al cambiar de univariados a bivariados.

El aumento en la heredabilidad para PD y PA al estimarse simultáneamente, puede atribuirse a mejoras en la estructura de los datos al considerar las asociaciones genéticas y residuales entre las dos variables (Schaeffer, 1984; Thompson y Meyer, 1986), y a la corrección por sesgos debido al reporte selectivo de información y selección diferencial de animales en función del sexo (Cuadro 1). La reducción de sesgo por selección con el uso de análisis multivariados se ha documentado (Walter y Mao, 1985; Kennedy *et al.* 1988; Mallinckrodt *et al.*, 1992). El patrón más estable de incrementos en las  $h_g^2$  de los análisis bivariados en ambas razas pudo deberse parcialmente a las correlaciones altas y positivas entre efectos genéticos aditivos directos ( $>0.85$ ), mientras que la falta de un patrón más definido para las  $h_m^2$ , pudo deberse a las estimaciones diversas de correlaciones genéticas aditivas maternas (0.0 hasta 1.0).

La similitud en los estimadores de  $h_g^2$  y  $h_m^2$  con análisis univariados o bivariados en variables de crecimiento de bovinos para carne, o de ligeras ventajas en favor del análisis bivariado para algunas de las variables, también se ha observado en estudios con poblaciones comerciales (Meyer, 1993; Eler *et al.*, 1995; Lee *et al.*, 2000) y usando datos simulados (Sorensen *et al.*, 2003), lo que sugiere estudiar los casos en forma particular.

the most appropriate analysis alternative and those ordered with the other alternatives; c) average of the genetic values predicted with the most appropriate analysis alternative, for the upper 20% of the animals, ordered according to each alternative within trait.

## RESULTS AND DISCUSSION

### Comparison between univariate and bivariate analyses

#### Genetic parameters

The estimators of direct ( $h_g^2$ ) and maternal ( $h_m^2$ ) heritability, for the breeds and their studied growth variables, showed similar magnitudes in both types of analyses (Table 2).

In Angus, when univariate analysis was changed to bivariate analysis, the  $h_g^2$  for BW, WW or YW varied slightly (less than 0.03 units), whereas the variation in the  $h_m^2$  for BW and WW was even lower. In Tropicarne, the  $h_g^2$  and  $h_m^2$  for BW were maintained practically unchanged, whereas for WW and YW, small increases were observed (less than 0.05 units) when univariates were changed to bivariates.

The increase in heritability for WW and YW when estimated simultaneously, can be attributed to improvements in the data structure when considering the genetic and residual associations between the two variables (Schaeffer, 1984; Thompson and Meyer, 1986), and to the correction for biases due to the selective reporting of information and differential selection of animals as a function of sex (Table 1). The reduction of bias by selection with the use of multivariate analyses has been documented (Walter and Mao, 1985; Kennedy *et al.*, 1988; Mallinckrodt *et al.*, 1992). The most stable pattern of increases in the  $h_g^2$  of the bivariate analyses in both breeds could have been partially due

**Cuadro 2. Heredabilidad directa ( $h_g^2$ ) y materna ( $h_m^2$ ) estimadas mediante análisis univariados y bivariados en Angus (AN) y Tropicarne (TR), para pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA).**

**Table 2. Direct ( $h_g^2$ ) and maternal ( $h_m^2$ ) heritabilities estimated through univariate and bivariate analyses in Angus (AN) and Tropicarne (TR) cattle, for birth weight (BW), weaning weight (WW) and yearling weight (YW).**

Concepto	Variable*								
	PN	PN+PD	PN+PA	PD	PD+PN	PD+PA	PA	PA+PN	PA+PD
AN $h_g^2$	0.31	0.32	0.33	0.48	0.45	0.45	0.33	0.33	0.36
AN $h_m^2$	0.34	0.33	0.33	0.00	0.00	0.01			
TR $h_g^2$	0.06	0.07	0.06	0.09	0.10	0.12	0.16	0.19	0.19
TR $h_m^2$	0.03	0.02	0.03	0.07	0.08	0.12	0.07	0.06	0.10

\* Las heredabilidades corresponden a la primera variable escrita en la hilera. La abreviatura después del signo (+) se refiere a la variable considerada en los análisis bivariados.

Considerando la magnitud de los estimadores de  $h_g^2$  y  $h_m^2$  en el presente estudio, los resultados obtenidos muestran ligeras ventajas al usar análisis bivariados; sin embargo, la no generalización para todos los casos sugiere determinar la alternativa de análisis más apropiada en cada raza y variable(s). Con base en este criterio, se recomienda el análisis univariado para PN, y el análisis bivariado PD+PA, en ambas razas.

**Habilidad de predicción**

Los análisis bivariados mostraron ventajas sobre los univariados en su habilidad de predicción usando la metodología de validación cruzada (Cuadro 3). Lo anterior confirma lo publicado por Varona *et al.* (1999) acerca de la menor sensibilidad a la pérdida de información de los análisis multivariados, dado el efecto estabilizador de la(s) variable(s) correlacionadas.

En Angus los promedios de las correlaciones entre valores genéticos predichos para PD y PA fueron superiores (0.43 y 0.66) al usar el análisis bivariado involucrando estas dos variables, comparado con sus respectivos análisis univariados; sin embargo, para PN las correlaciones estimadas con el análisis univariado o cualquiera de los bivariados, fueron similares. Las correlaciones entre valores genéticos predichos para leche variaron en mayor magnitud, posiblemente debido a la prácticamente nula  $h_m^2$  de esta variable, en parte por la poca información disponible en esta raza.

En Tropicarne los análisis bivariados tuvieron mejor poder predictivo que sus correspondientes univariados. Para PN, los análisis bivariados tuvieron respuestas similares (0.88 a 0.91); sin embargo, para las demás variables los mejores resultados se obtuvieron con el análisis bivariado considerando PD y PA (0.86 a 0.93).

Las diferencias en habilidad de predicción entre los análisis univariados y bivariados son mayores a las

to the high and positive correlations among direct additive genetic effects (>0.85), while the lack of a more defined pattern for the  $h_m^2$ , could have been a result of the diverse estimations of maternal additive genetic correlations (0.0 to 1.0).

The similarity in the estimators of  $h_g^2$  and  $h_m^2$  with univariate or bivariate analyses in growth variables of beef cattle, or of slight advantages in favour of bivariate analysis for some of the variables, has also been observed in studies with commercial populations (Meyer, 1993; Eler *et al.*, 1995; Lee *et al.*, 2000) and using simulated data (Sorensen *et al.*, 2003), which suggests studying the cases in a particular form.

Considering the magnitude of the estimators of  $h_g^2$  and  $h_m^2$  in the present study, the results obtained show slight advantages when using bivariate analyses. However, the non-generalization for all of the cases suggests the determination of the most appropriate analysis alternative in each breed and variable(s). Based on this criterion, the univariate analysis is recommended for BW, and the bivariate analysis WW+YW, in both breeds.

**Prediction ability**

The bivariate analyses showed advantages over the univariate analyses in their prediction ability using the methodology of cross validation (Table 3). The above confirms what was published by Varona *et al.* (1999) with respect to the lower sensitivity to the loss of information of the multivariate analyses, given the stabilizing effect of the correlated variable(s).

In Angus, the averages of the correlations between the genetic values predicted for WW and YW were higher (0.43 and 0.66) when using bivariate analysis involving these two variables, compared with their respective univariate analyses. However, for BW the correlations estimated with the univariate analysis or

**Cuadro 3. Promedios\* de correlaciones entre valores genéticos predichos obtenidos de pares de muestras usando validación cruzada en Angus y Tropicarne, para leche (L), y los pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA), en los diferentes análisis\*\*.**  
**Table 3. Averages\* of correlations among predicted genetic values obtained from pairs of samples using cross validation in Angus and Tropicarne, for milk (M), and birth weight (BW), weaning weight (WW) and yearling weight (YW) in the different analyses\*\*.**

Variable	Raza / tipo de análisis							
	Angus				Tropicarne			
	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>
PN	0.17	0.11	0.20		0.23	0.88	0.91	
PD	0.23	0.22		0.66	0.44	0.85		0.93
L	0.12	1.00		0.04	0.51	0.53		0.86
PA	0.24		0.42	0.90	0.46		0.80	0.91

\* Tres repeticiones; \*\*U = univariado, B = bivariado.

estimadas por Ramirez-Valverde *et al.* (2001) usando modelos lineales univariados y bivariados, para peso al nacimiento y dificultad al parto en bovinos Gelbvieh. En este último estudio se obtuvieron correlaciones de 0.63 para análisis univariados y de 0.86 para bivariados. Las bajas correlaciones estimadas en análisis univariados en el presente estudio pudieran explicarse parcialmente por la menor cantidad de registros (457 a 4910) que la usada en el estudio con Gelbvieh (84 820 registros).

Considerando el criterio de la habilidad de predicción de los análisis univariados o bivariados, los resultados muestran ventajas usando estos últimos. Sin embargo, dada la simplicidad de los modelos, se recomienda el análisis univariado para PN en Angus, el bivariado PN+PD para PN en Tropicarne, y el bivariado PD+PA para estas variables en ambas razas.

### Exactitudes de los valores genéticos predichos

El mejoramiento de la exactitud de los valores genéticos predichos es una de las razones principales para analizar varias variables simultáneamente (Pollak *et al.*, 1984; Schaeffer, 1984; Li y Kennedy, 1994). En el Cuadro 4 se muestran los promedios de la exactitud de los valores genéticos predichos para las variables y razas estudiadas. El análisis bivariado mejoró la exactitud promedio de la mayoría de las variables estudiadas, aunque la magnitud del cambio dependió de la característica asociada.

En Angus el análisis bivariado PN+PD no mejoró la exactitud, ya que su valor fue ligeramente menor (PN) o igual (PD). Para L y PA, el análisis bivariado PD+PA aumentó ligeramente la exactitud de L (0.04 vs 0.00) y PA (0.17 vs 0.12), con relación a los respectivos análisis univariados. En Tropicarne, con excepción del análisis bivariado PN+PA para PN, las exactitudes obtenidas con análisis bivariados fueron mayores que las de univariados. Para PN, la exactitud con el análisis bivariado PN+PD fue mayor a la del univariado (0.53 vs 0.44). Para PD y PA, los promedios de exactitud fueron similares en cualquiera de los análisis bivariados, y superiores a sus respectivos univariados (0.53 a 0.54 vs 0.47 y 0.54 a 0.55 vs 0.48, para PD y PA). Para L, la exactitud del análisis bivariado PD+PA fue mayor que la del univariado (0.51 vs 0.42).

El aumento en la exactitud de los valores genéticos predichos mediante análisis bivariados, podría explicarse principalmente por el aumento en la cantidad de información al considerar las asociaciones entre variables y la mejora en la estructura de los datos, tanto para los efectos fijos como aleatorios (Pollak *et al.*, 1984; Schaeffer, 1984; Thompson y Meyer, 1986), especialmente en variables con selección secuencial y

any of the bivariates, were similar. The correlations among genetic values predicted for milk varied in larger magnitude, possibly due to the almost null  $h_m^2$  of this variable, in part to the lack of available information for this breed.

In Tropicarne, the bivariate analyses had better predictive power than their corresponding univariates. For BW, the bivariate analyses had similar responses (0.88 to 0.91); however, for the other variables the best results were obtained with the bivariate analysis considering WW and YW (0.86 to 0.93).

The differences in prediction ability among the univariate and bivariate analyses are larger than those estimated by Ramirez-Valverde *et al.* (2001) using univariate and bivariate linear models, for birth weight and calving difficulty in Gelbvieh cattle. In this last study, correlations of 0.63 were obtained for univariate analyses and of 0.86 for bivariate analyses. The low correlations estimated in univariate analyses in the present study could be partially explained by the lower amount of records (457 to 4910) than that used in the study with Gelbvieh (84 820 records).

Considering the criterion of the prediction ability of the univariate or bivariate analyses, the results show advantages using the latter. However, given the simplicity of the models, univariate analysis is recommended for BW in Angus, bivariate BW+WW for BW in Tropicarne, and the bivariate WW+YW for these variables in both breeds.

### Accuracy of the predicted genetic values

The improvement of the accuracy of the predicted genetic values is one of the principal reasons for analyzing several traits simultaneously (Pollak *et al.*, 1984; Schaeffer, 1984; Li and Kennedy, 1994). The averages of the accuracy of the genetic values predicted for the variables and breeds studied are shown in Table 4. The bivariate analysis improved the average accuracy of most of the variables studied, although the magnitude of the change depended on the associated trait.

In Angus the bivariate analysis BW+WW did not improve the accuracy, given that its value was slightly lower (BW) or equal (WW). For M and YW, the bivariate analysis WW+YW slightly increased the accuracy of M (0.04 vs 0.00) and YW (0.17 vs 0.12), with respect to the corresponding univariate analysis. In Tropicarne, with the exception of the bivariate analysis BW+YW for BW, the accuracies obtained with bivariate analyses were higher than those of univariates. For BW, the accuracy with the bivariate analysis BW+WW was higher than that of the univariate analysis (0.53 vs 0.44). For WW and YW, the averages of accuracies were similar in any of the bivariate



**Cuadro 4. Promedios de la exactitud de los valores genéticos predichos en Angus y Tropicarne, para leche (L), y los pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA) en los diferentes análisis\*.****Table 4. Averages of the accuracies of the predicted genetic values in Angus and Tropicarne, for milk (M), and birth weight (BW), weaning weight (WW) and yearling weight (YW) in the different analyses\*.**

Variable	Raza / tipo de análisis							
	Angus				Tropicarne			
	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>
PN	0.19	0.18	0.18		0.44	0.53	0.39	
PD	0.19	0.19		0.19	0.47	0.53		0.54
L	0.00	0.02		0.04	0.42	0.44		0.51
PA	0.12		0.13	0.17	0.48		0.55	0.54

\* U=univariado, B=bivariado.

reporte selectivo de información, como en este estudio. La falta de consistencia en Angus podría deberse a problemas para obtener estimadores precisos de parámetros genéticos (Pollak *et al.*, 1984; Ducrocq, 1994; Li y Kennedy, 1994) por información escasa, llegando al extremo (para tres variables) de la imposibilidad de su análisis. Para obtener estimadores de correlaciones genéticas con varianzas de muestreo pequeñas, se requiere una gran cantidad de datos balanceados (Henderson, 1984).

Considerando el criterio de cambios en la exactitud de los valores genéticos predichos, los resultados sugieren ventajas de los análisis bivariados. Se recomienda el análisis univariado para PN en Angus, el bivariado PN+PD para PN en Tropicarne, y el bivariado PD+PA para estas variables en ambas razas.

#### Efecto de la alternativa de análisis en la jerarquización de animales

Los estimadores del coeficiente de correlación entre valores genéticos predichos obtenidos con la alternativa de análisis más apropiada y las alternativas adicionales se muestran en el Cuadro 5. En Angus las correlaciones para las variables PN y PD fueron altas y positivas (0.97 a 0.99), lo que indica la ausencia de cambios importantes en la jerarquización de animales, cuando se usaron las alternativas de análisis. Para PA se obtuvieron correlaciones de menor magnitud (de 0.80 a 0.83) y muy variables para L (0.13 a 0.91), sugiriendo cambios en la jerarquización de animales. En Tropicarne las correlaciones fueron de mediana magnitud (0.83 a 0.97), lo que indica que la elección del tipo de análisis repercute en la jerarquización de los animales.

Los porcentajes de coincidencia entre los valores genéticos predichos obtenidos con la alternativa de análisis más apropiada y las alternativas adicionales, para el 20% superior de los animales se muestran en el

analyses, and higher to their respective univariate analyses (0.53 to 0.54 vs 0.47 and 0.54 to 0.55 vs 0.48, for WW and YW). For M, the accuracy of the bivariate analysis WW + YW was higher than that of the univariate (0.51 vs 0.42).

The increase in accuracy of the genetic values predicted through bivariate analyses, could be explained mainly by the increase in the amount of information when considering the associations among variables and the improvement of the data structure, for both the fixed and random effects (Pollak *et al.*, 1984; Schaeffer, 1984; Thompson and Meyer, 1986), especially in variables with sequential selection and selective reporting of information, as in the case of the present study. The lack of consistence in Angus could be due to problems in obtaining precise estimators of genetic parameters (Pollak *et al.*, 1984; Ducrocq, 1994; Li and Kennedy, 1994) for scant information, reaching the extreme (for three variables) of the impossibility of their analysis. To obtain estimators of genetic correlations with small sampling variances, a large amount of balanced data is required (Henderson, 1984).

Considering the criteria of change in the accuracy of the predicted genetic values, the results suggest advantages of the bivariate analyses. Univariate analysis is recommended for BW in Angus, bivariate BW + WW for BW in Tropicarne, and bivariate WW + YW for these variables in both breeds.

#### Effect of the analysis alternative on animal ranking

The estimators of the correlation coefficient among predicted genetic values obtained with the most appropriate analysis alternative and the additional alternatives are shown in Table 5. In Angus, the correlations for BW and WW were high and positive (0.97 to 0.99), which indicates the absence of important

**Cuadro 5. Estimadores del coeficiente de correlación entre valores genéticos predichos de la alternativa de análisis más apropiada\* y las alternativas adicionales, en Angus y Tropicarne para leche (L), y pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA).**  
**Table 5. Estimators of the correlation coefficients among the predicted genetic values of the most appropriate analysis alternative\* and the additional alternatives, in Angus and Tropicarne for milk (M), birth weight (BW), weaning weight (WW) and yearling weight (YW).**

Variable	Raza / tipo de análisis**							
	Angus				Tropicarne			
	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>
PN	1.00*	0.99	0.98		0.83	1.00*	0.86	
PD	0.98	0.97		1.00*	0.92	0.84		1.00*
L	0.91	0.13		1.00*	0.97	0.96		1.00*
PA	0.83		0.80	1.00*	0.89		0.85	1.00*

\*\*U = univariado, B = bivariado.

Cuadro 6. En Angus el porcentaje de coincidencia dependió de la variable considerada; para PN y PD la coincidencia fue alta (>91%), mientras que para L y PA fue de magnitud intermedia (67 a 86%). En Tropicarne la coincidencia varió entre 69 y 87%. Lo anterior sugiere que el impacto de considerar las diferentes alternativas de análisis afecta la jerarquización de los animales, lo que refuerza la necesidad de usar la alternativa de análisis más apropiada para cada caso.

Los cambios en la jerarquización de animales para algunas de las variables eran de esperarse, dados los cambios en parámetros genéticos, en la exactitud de los valores genéticos predichos, y en las diferentes habilidades de predicción de las alternativas de análisis, así como la selección secuencial observada en las poblaciones estudiadas. Schaeffer (1984) menciona que el análisis multivariado puede mejorar la jerarquización de los animales, especialmente cuando hay selección, ya que mejora la estimación de los parámetros genéticos y reduce el sesgo en la predicción de los valores genéticos (Henderson, 1984; Pollak y Quass, 1981).

changes in animal ranking, when the analysis alternatives were used. For YW, correlations of lower magnitude were obtained (from 0.80 to 0.83) and very variable for M (0.13 to 0.91), suggesting changes in animal ranking. In Tropicarne, the correlations were of medium magnitude (0.83 to 0.97), which indicates that the choice of the type of analysis has an effect on animal ranking.

The percentages of coincidence among the predicted genetic values obtained with the most appropriate analysis alternative and the additional alternatives for the upper 20% of the animals are shown in Table 6. In Angus, the percentage of coincidence depended on the variable considered; for BW and WW, the coincidence was high (>91%), while for M and YW, it was intermediate (67 to 86%). In Tropicarne, the coincidence varied between 69 and 87%. The above suggests that the impact of considering the different alternatives of analysis affects the ranking of the animals, which reinforces the need to use the most appropriate analysis alternative for each case.

**Cuadro 6. Porcentajes de coincidencia del 20% superior de los animales ordenados por su valor genético predicho, entre la alternativa de análisis más apropiada\* y las demás alternativas, en Angus y Tropicarne para leche (L), y pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA).**

**Table 6. Coincidence percentages of the top 20% animals ranked according to their predicted genetic value between the most appropriate analysis alternative and the rest of them, in Angus and Tropicarne for milk (M) and birth weight (BW), weaning weight (WW) and yearling weight (YW).**

Variable	Raza / tipo de análisis**							
	Angus				Tropicarne			
	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>
PN	100.0*	93.9	91.4		74.7	100.0*	71.6	
PD	92.6	91.9		100.0*	76.6	69.1		100.0*
L	86.3	66.8		100.0*	86.5	85.5		100.0*
PA	73.0		70.6	100.0*	76.2		72.4	100.0*

\*\*U = univariado, B = bivariado.

Para evaluar el efecto de usar diferentes alternativas de análisis en la respuesta a la selección, en el Cuadro 7 se muestran los promedios de valores genéticos predichos con la alternativa de análisis más apropiada, al considerar el 20% superior de los animales ordenados de acuerdo con cada alternativa. En Angus las diferencias en los promedios de los valores genéticos predichos fueron poco importantes para las variables, con la excepción de PA, donde se esperaría una mayor respuesta a la selección utilizando la alternativa de análisis más apropiada (univariado 1.87 kg; bivariado PN+PA 2.15 kg). En contraste, en Tropicarne, con excepción de PN, las diferencias en los promedios de los valores genéticos predichos para las demás variables fueron importantes. Lo anterior sugiere que dependiendo de las variables y poblaciones a analizar, la elección de la alternativa de análisis más apropiada tiene un impacto importante en el progreso genético.

**CONCLUSIONES**

Para algunas de las variables de crecimiento estudiadas, los análisis bivariados mejoraron los estimadores de la heredabilidad directa y materna, la exactitud de las predicciones de los valores genéticos y la habilidad predictiva de los modelos. En la mayoría de las variables se detectaron cambios en la jerarquización de los animales en función de la alternativa de análisis, por lo que el uso de cierta alternativa impactaría el mejoramiento genético. Lo anterior sugiere determinar la alternativa de análisis más apropiada para la población y variable(s) específica(s). En Angus, para peso al nacimiento se recomienda el análisis univariado, y para peso al destete y peso al año el análisis bivariado involucrando ambas variables. En Tropicarne, para peso al nacimiento se recomienda el análisis bivariado de peso al nacimiento y al destete, y para peso al destete

The changes in animal ranking for some of the variables were to be expected, given the changes in genetic parameters, the accuracy of the predicted genetic values, and the different prediction abilities of the analysis alternatives, as well as the sequential selection observed in the populations studied. Schaeffer (1984) mentions that multivariate analysis can improve the ranking of the animals, especially when there is selection, given that it improves the estimation of the genetic parameters and reduces the bias in the prediction of the genetic values (Henderson, 1984; Pollak and Quass, 1981).

To evaluate the effect of using different alternatives of analysis in the selection response, the averages of genetic values predicted with the most appropriate analysis alternative, considering the upper 20% of the animals ordered according to each alternative, are shown in Table 7. In Angus, the differences in the predicted genetic values were of little importance for the variables, with the exception of YW, where a larger response to selection would be expected using the most appropriate analysis alternative (univariate 1.87 kg; bivariate BW+YW 2.15 kg). In contrast, in Tropicarne, with the exception of BW, the differences in the averages of the genetic values predicted for the other variables were important. The above suggests that depending on the variables and populations to be analyzed, the selection of the most appropriate analysis alternative has an important impact on genetic progress.

**CONCLUSIONS**

For some of the growth traits studied, the bivariate analyses improved the estimators of direct and maternal heritabilities, the accuracy of predictions of genetic values, and the predictive ability of the models. In most of the variables, changes were detected in the

**Cuadro 7. Promedios de valores genéticos predichos del 20% superior de los animales evaluados con la alternativa de análisis más apropiada\*, ordenados de acuerdo con cada alternativa, en Angus y Tropicarne para leche (L), y pesos al nacimiento (PN), al destete (PD) y al año (PA).**

**Table 7. Averages of the predicted genetic values of the top 20% of the animals evaluated with the most appropriate analysis alternative\*, ordered according to each alternative, in Angus and Tropicarne for milk (M), and birth weight (BW), weaning weight (WW) and yearling weight (YW).**

Variable	Raza / tipo de análisis**							
	Angus				Tropicarne			
	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>	U	B <sub>PN+PD</sub>	B <sub>PN+PA</sub>	B <sub>PD+PA</sub>
PN	-0.52*	-0.51	-0.51		-0.11	-0.15*	-0.14	
PD	7.78	7.77		7.94*	8.91	8.47		9.53*
L	0.21	0.20		0.18*	7.93	7.90		8.13*
PA	7.43		7.15	9.30*	11.69		11.40	12.62*

\*\* U = univariado, B = bivariado.

y peso al año el análisis bivariado involucrando ambas variables.

### AGRADECIMIENTOS

Se agradece a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Tropicarne y a la Asociación Angus Mexicana A. C., por facilitar la información de sus bases de datos genealógicos y productivos para el presente estudio, y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por el apoyo económico brindado para realizar los estudios de posgrado del segundo autor.

### LITERATURA CITADA

- Bennett, G. L., and K. E. Gregory. 1996. Genetic (co)variances among birth weight, 200-day weight, and postweaning gain in composites and parental breeds of beef cattle. *J. Anim. Sci.* 74: 2598-2611.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck, C. P. Van Tassell, and S. D. Kachman. 1995. A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft). USDA, ARS. 114 p.
- Domínguez-Viveros, J., R. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde, y A. Ruíz-Flores. 2003. Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne: I. Selección de modelos. *Agrociencia* 37(4): 323-335.
- Ducrocq, V. 1994. Multiple trait prediction: principles and problems. *Proc. 5<sup>th</sup> World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.* 18: 455-462.
- Eler, J. P., L. D. Van Vleck, J. B. S. Ferraz, and R. B. Lobo. 1995. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 73: 3253-3258.
- Fries, L. A. 1998. Connectivity in beef cattle genetic evaluation: The heuristic approach used in Milc.for. *Proc. 6<sup>th</sup> World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.* 27: 449-450.
- Gregory, K. E., L. V. Cundiff, and R. M. Koch. 1992. Composite breed to use heterosis and breed differences to improve efficiency of beef production. U. S. Meat Animal Research Center Report. Agricultural Research Service. USDA. Clay Center, NE, USA. 53 p.
- Henderson, C. R. 1984. Estimation of variances and covariances under multiple trait models. *J. Dairy Sci.* 67: 1581-1589.
- Henderson, C. R., and R. L. Quaas. 1976. Multiple trait evaluation using relatives records. *J. Anim. Sci.* 43: 1188-1197.
- Jensen, J., and I. L. Mao. 1991. Estimation of genetic parameters using sampled data from populations undergoing selection. *J. Dairy Sci.* 74: 3544-3551.
- Kennedy, B. W., L. R. Schaeffer, and D. A. Sorensen. 1988. Genetic properties of animal models. *J. Dairy Sci.* 71(Suppl.): 17-26.
- Lee, J. W., S. B. Choi, Y. H. Jung, J. F. Keown, and L. D. Van Vleck. 2000. Parameter estimates for direct and maternal genetic effects on yearling, eighteen-month, and slaughter weights of Korean native cattle. *J. Anim. Sci.* 78: 1414-1421.
- Li, X., and B. W. Kennedy. 1994. Comparison of genetic parameter estimates for growth rate and backfat from single and multiple trait models with and without genetic groups. *Proc. 5<sup>th</sup> World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.* 18: 418-421.
- Mallinckrodt, C. H., B. L. Golden, and R. M. Bourdon. 1992. The impact of data problems on the reliability of expected progeny difference. *J. Anim. Sci.* 70(suppl. 1): 97.
- Mallinckrodt, C. H., B. L. Golden, and R. M. Bourdon. 1995. The effect of selective reporting on estimates of weaning weight parameters in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 73: 1264-1270.
- ranking of the animals as a function of the alternative of analysis; therefore the use of a certain alternative would have an impact on genetic improvement. This suggests to determine the alternative of analysis that is most appropriate for the specific population and variable(s). In Angus, for birth weight, univariate analysis is recommended, and for weaning weight and yearling weight, bivariate analysis involving both traits. In Tropicarne, for birth weight, bivariate analysis of birth weight and weaning weight is recommended, and for weaning weight and yearling weight, the bivariate analysis involving both traits.

—End of the English version—



- Meyer, K. 1993. Estimates of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 38: 91-105.
- Meyer, K., M. J. Carrick, and B. J. P. Donnelly. 1993. Genetic parameter for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *J. Anim. Sci.* 71: 2614-2622.
- Pollak, E. J., and R. L. Quaas. 1981. Monte Carlo study of genetic evaluations using sequentially selected records. *J. Anim. Sci.* 52: 257-264.
- Pollak, E. J., J. Van der Werf, and R. L. Quaas. 1984. Selection bias and multiple trait evaluation. *J. Dairy Sci.* 67: 1590-1595.
- Ramírez-Valverde, R., I. Misztal, and J. K. Bertrand. 2001. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 79: 333-338.
- SAGAR. 1996. Reglamento Técnico de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Tropicarne. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural. México, D. F. 24 p.
- SAS. 2001. SAS/STAT User's Guide. (Release 8.20). Cary, NC, USA. SAS Inst. Inc.
- Schaeffer, L. R. 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait models. *J. Dairy Sci.* 67: 1567-1580.
- Shao, J. 1993. Linear model selection by cross-validation. *J. Am. Stat. Assoc.* 88: 486-494.
- SMN (Servicio Meteorológico Nacional). 2004. <http://smn.gob.mx/productos/> (consultado en agosto de 2004).
- Sorensen, P., M. S. Lund, B. Gulbrandsen, J. Jensen, and D. Sorensen. 2003. A comparison of bivariate and univariate QTL mapping in livestock populations. *Genet. Sel. Evol.* 35: 605-622.
- Thompson, R., and K. Meyer. 1986. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *Livest. Prod. Sci.* 15: 299-313.
- Varona L., I. Misztal, and J. K. Bertrand. 1999. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: comparison of models. *J. Anim. Sci.* 77: 2003-2007.
- Villanueva, B., N. R. Wray, and R. Thompson. 1993. Prediction of asymptotic rates of response from selection on multiple traits using univariate and multivariate best linear unbiased predictors. *Anim. Prod.* 57: 1-13.
- Walter, J. P., and I. L. Mao. 1985. Multiple and single traits analyses for estimating genetic parameters in simulated populations under selection. *J. Dairy Sci.* 68: 91-98.