

**Inferencia bayesiana de parámetros genéticos para características de crecimiento en búfalos doble propósito en Colombia**

**J J Taborda, M F Cerón-Muñoz, D C Barrera, J D Corrales y D A Agudelo<sup>1</sup>**

*Grupo de Genética, Mejoramiento y Modelación Animal, (GaMMA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia; Calle 70 No 52-21, Medellín, Antioquia.*

*grupogamma@udea.edu.co*

<sup>1</sup> *Corporación Universitaria Lasallista, Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias. Caldas, Antioquia, Colombia.*

**Resumen**

El conocimiento de parámetros genéticos es indispensable en el establecimiento de programas de mejoramiento genético, los cuales tienen como fin optimizar la productividad. El presente estudio, tuvo como objetivo estimar componentes de varianza para tres características de crecimiento en búfalos de 18 meses de edad. Las características analizadas fueron peso (P18), área de ojo del lomo (AOL) y espesor de grasa de cadera (EGC). Se utilizó información productiva de 179 búfalos con una genealogía de 7086 individuos, divididos en 7 grupos contemporáneos con un índice de conectividad alto. Se utilizó una metodología Bayesiana con muestreos de Gibbs, para ajustar modelos lineales univariados. Las medias marginales posteriores de la heredabilidad fueron: 0.256 para AOL, 0.214 para EGC y 0.353 para P18. Los errores estándar para las características fueron bajos ( $ES < 0.01$ ), denotando una alta precisión en las estimaciones mediante la metodología utilizada. En conclusión, las heredabilidades para P18, AOL y EGC junto con la varianza aditiva encontrada sugieren la posibilidad de realizar selección genética para estos caracteres.

**Palabras clave:** *evaluación genética, heredabilidad, producción de carne*

**Bayesian inference of genetic parameters for growth traits in buffalo dual purpose in Colombia**

**Abstract**

Knowledge of genetic parameters is essential in establishing breeding programs, which aim to optimize productivity. The objective of this study was to estimate variance components for 3 growth traits in buffaloes at 18 month age. The traits were weight (W18), longissimus muscle area (REA) and rump fat thickness (RFT). A total of 179 buffaloes with 7086 pedigree animals divided in 7 contemporary groups with high genetic connectedness. A

Bayesian methodology with Gibbs sampling was used to fit univariate linear models. The marginal posterior mean of the heritability was 0.256 for REA, 0.214 for RFT and 0.353 for W18. Standard error found was low denoting high accuracy in estimates through the methodology used. In conclusion, the heritabilities for W18, REA and RFT and the additive variance show the possibility to make selection for these traits.

**Key words:** *genetic evaluation, heritability, meat production*

## **Introducción**

En los últimos años, la ganadería bufalina de carne ha ganado popularidad y su producción ha crecido rápidamente en países como Brasil debido a las características de la canal y a su precocidad, alcanzando el peso al sacrificio entre los 18 y 24 meses de edad (Mattos et al 1990; de la Cruz-cruz 2014). En Colombia la ganadería bufalina de carne ha crecido un 35% anual (Ministerio de Agricultura-Colombia, 2015) con pesos al sacrificio de  $306 \pm 33$  Kg alcanzados a una edad aproximada de 24 meses (Angulo et al 2006; Bolívar et al 2012). Mantener las condiciones fisicoquímicas y organolépticas que caracterizan la carne bufalina, requiere el sacrificio de individuos relativamente jóvenes (Andrighetto et al 2008). Debido a lo anterior, es necesario plantear programas de mejoramiento genético que permitan seleccionar los mejores individuos para una o varias características (i.e., peso, espesor de grasa de la canal y área del ojo del lomo), de esta manera, aumentar los rendimientos y la producción cárnica en la ganadería bufalina de Colombia.

Las evaluaciones genéticas para características de la canal permiten identificar los animales con mayor potencial genético para el desarrollo de programas de mejoramiento genético que conduzcan a la selección de los mejores individuos y beneficiar a los productores bufalinos en Colombia a través del aumento en los rendimientos de la producción. En los últimos años, se han realizado diferentes análisis en la población bufalina de Colombia en los cuales se ha encontrado una variabilidad genética alta para los caracteres de producción de leche y carne (Bolivar et al 2013; Agudelo et al 2015a; Agudelo et al 2015b).

La estimación de parámetros genéticos, es difícil cuando se cuenta con caracteres complejos o con poblaciones pequeñas, debido principalmente a que los métodos basados en la máxima verosimilitud producen buenos resultados sólo cuando los datos son lo suficientemente grandes (Gianola y Fernando 1986). Sin embargo, la existencia de métodos Monte Carlo usando Cadenas de Markov (MCMC) permiten tener buenos resultados cuando se cuenta con información a priori disponible (Carneiro et al 2007). Adicionalmente, cuando se trabaja con estimación de parámetros genéticos y de valores de cría en una población, es necesario contar con una buena conectividad de los datos para poder comparar entre los niveles de los efectos fijos y obtener buenas confiabilidades (Kennedy y Trus 1993; Hanocq et al 1996; Magaña-Valencia et al 2013).

Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue estimar parámetros genéticos para peso, área del ojo del lomo y espesor de grasa de la cadera en búfalos de 18 meses de edad a partir de una muestra de búfalos de la raza Murrah en Colombia utilizando una metodología bayesiana.

## Materiales y métodos

Se utilizaron 179 registros de peso (P18), área de ojo de lomo (AOL) y espesor de grasa de cadera (EGC) de búfalos de 18 meses de edad (rango de edad entre 16 y 20 meses) entre los años 2012 y 2013, perteneciente a la hacienda Altamar ubicada en el municipio de Montelibano, Córdoba, Colombia. Para medir AOL y EGC se tomaron dos imágenes ecográficas con un ecógrafo Akila-Pro (Esaote Europe BV, Maastricht, The Netherlands) y un transductor de 18 cm; la primera imagen (AOL), fue tomada en el espacio intercostal entre la 12ava y 13ava costilla y la segunda imagen (EGC) entre las tuberosidades coxal e isquiática.

La genealogía incluyó 7086 animales de 16 generaciones de los cuales 27 eran padres y 142 madres de los individuos con datos (Tabla 1), los demás individuos permitieron armar una buena conectividad para el análisis. Es importante resaltar que el bajo número de individuos con datos se debe a que provienen de un solo rebaño y a que las medidas por ultrasonido no han sido ampliamente utilizadas en este tipo de producción.

**Tabla 1.** Número de animales incluidos en la matriz de parentesco para la evaluación de peso, área de ojo de lomo y espesor de grasa de búfalos doble propósito

Item	Valor
Animales con información productiva	179
Número de animales en la genealogía	7086
Padres	139
Madres	308
Abuelos paternos	363
Abuelos maternos	328
Abuelas paternas	273
Abuelas maternas	225

Los grupos contemporáneos (GC) fueron definidos como individuos que nacieron en el mismo año y época (época = 1 entre enero y abril, 2 entre mayo y agosto y 3 entre septiembre y diciembre) y contaron con un mínimo de 9 observaciones. Se realizó un análisis de conectividad genética de los GC ( $GC_{conectividad}$ ) mediante el valor de la varianza de deriva genética propuesto por Kennedy y Trus (1993). Para el cálculo de ( $GC_{conectividad}$ ) se realizó un programa en R (R Core Team, 2015) utilizando las matrices y valores correspondientes.

$$GC_{conectividad} = \{X'X - X'Z(Z'Z + \lambda A^{-1})^{-1}Z'X\}^{-1}\sigma_e^2$$

Donde X y Z son las matrices de incidencia de los grupos contemporáneos y de los individuos que tienen datos A-1, corresponde a la inversa de la matriz de relaciones genéticas

(Pedigree)  $\sigma_e^2$ , es la varianza residual  $\lambda = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$ . Los elementos positivos fuera de la diagonal corresponden a las relaciones genéticas entre los individuos de diferentes GC y son considerados la medida de conectividad. Valores bajos indican una alta conectividad entre grupos contemporáneos (Kennedy y Trus 1993).

Los componentes de (co)varianza para P18, AOL y EGC se estimaron por medio de inferencia Bayesiana en modelos uní-carácter analizados a través de la librería MCMCglmm del software R-project (Hadfield 2010) considerando el modelo lineal mixto

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

donde  $\beta$  ( $p \times 1$ ) es un vector de efectos fijos sistemáticos con las soluciones para los efectos de grupo contemporáneo, sexo y edad como covariable. Estos efectos se asocian a las observaciones mediante la matriz de incidencia  $X$  ( $n \times p$ ). El vector aleatorio  $a$  de orden  $q \times 1$ , contiene los valores de cría o efectos genéticos aditivos de los individuos con y sin datos; se relaciona con las observaciones a través de la matriz de incidencia  $Z$  ( $n \times q$ ). Finalmente,  $e$  ( $n \times 1$ ) es el vector aleatorio de errores individuales.

La estructura de varianzas y covarianzas de los efectos aleatorios fue:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

donde  $G$  y  $R$  son las matrices de (co)varianza con los valores de las varianzas del efecto genético aditivo ( $a$ ) y del término de error ( $e$ ), respectivamente. La matriz  $G$  adopta la estructura  $A\sigma_A^2$ , siendo  $A$  la matriz de parentesco (Henderson 1984) y  $\sigma_A^2$  la varianza genética aditiva. La matriz  $R$  es tal que  $R = I\sigma_e^2$ , siendo  $\sigma_e^2$  la varianza del error del modelo.

Para los efectos fijos fue definida una distribución normal  $p$ -variada:  $\beta \sim N_p(\theta, K)$  considerando una matriz de hipercovarianzas  $K$  con elementos diagonales  $k_{ii} > 10^8$  para reflejar un alto estado inicial de incertidumbre sobre los efectos fijos. Los efectos aleatorios genéticos aditivos y residuales se definieron a priori con una distribución normal

$$a \sim N(\theta, A\sigma_A^2) \text{ y } e \sim N(\theta, I\sigma_e^2)$$

Para los componentes de variancia  $\sigma_A^2$  y  $\sigma_e^2$  se utilizaron distribuciones Chi-cuadrado invertidas escaladas e independientes (Wang 1994).

$$p(\sigma_A^2 | u_A, \delta_A^2) \propto (\sigma_A^2)^{-\left(\frac{u_A}{2} + 1\right)} \exp\left\{-\frac{u_A \delta_A^2}{2\sigma_A^2}\right\}$$

$$p(\sigma_e^2 | u_e, \delta_e^2) \propto (\sigma_e^2)^{-\left(\frac{u_e}{2} + 1\right)} \exp\left\{-\frac{u_e \delta_e^2}{2\sigma_e^2}\right\}$$

donde las varianzas  $\delta_A^2$  y  $\delta_e^2$  son los hiperparámetros y  $u_A$  y  $u_e$  los grados de credibilidad para  $\sigma_A^2$  y  $\sigma_e^2$ , respectivamente.

Una cadena de un total de 1 100,000 ciclos fue generada implementando el modelo anteriormente descrito. Las primeras 100,000 iteraciones se descartaron como proceso de calentamiento (“burn-in”). Para inicializar el programa los valores de las hipervarianzas ( $\delta_A^2$  y  $\delta_e^2$ ) fueron obtenidos de estimaciones previas en REML utilizando valores de la literatura (Bolívar et al 2013; Agudelo et al 2015b), los grados de credibilidad fueron fijados en 50 ( $u_A = u_e = 50$ ) para reflejar relativamente poco grado de incertidumbre. Adicionalmente, cada 500 ciclos se guardó una muestra con la varianza aditiva ( $\sigma_A^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ) y heredabilidad  $h^2 = \sigma_A^2 / (\sigma_A^2 + \sigma_e^2)$ .

La convergencia fue evaluada a través del método de Geweke y el análisis de los gráficos de las cadenas. Se compara la media en un segmento temprano de la cadena con la media de un segmento tardío y presenta un valor z con su respectivo valor de significancia ( $p$ ) como evidencia de convergencia entre las dos secuencias. Cuando  $p > 0.05$  existe evidencia de convergencia (Geweke 1992).

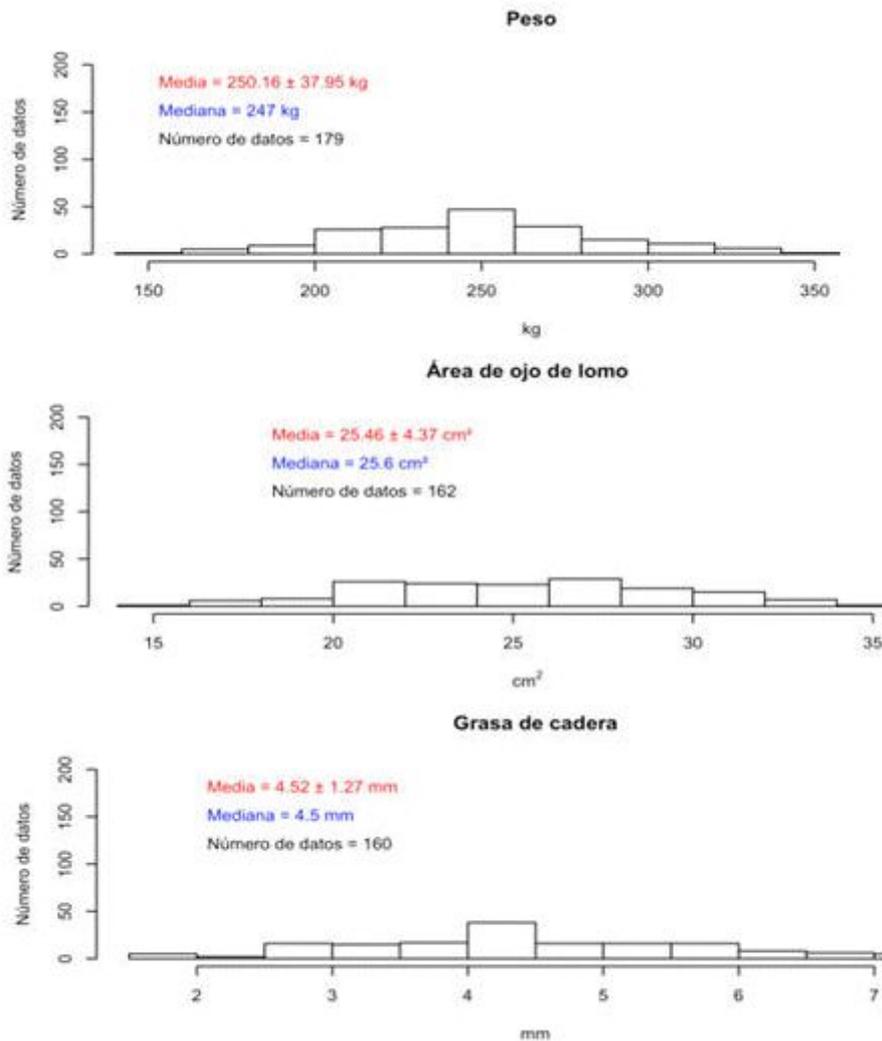
La estadística descriptiva (media, mediana, desviación estándar y el intervalo de alta densidad posterior al 95%) de la distribución posterior para cada parámetro fueron obtenidas a través del paquete BOA del software R-project (Smith 2007).

## Resultados y discusión

Los grupos contemporáneos presentaron una varianza de deriva genética que vario entre 0.07 y 0.21, indicando una alta conectividad y por lo tanto, los parámetros genéticos estimados en la evaluación genética son poco sesgados y puede existir selección dentro de la población con una buena confiabilidad (Kennedy y Trus 1993). En esta perspectiva, la matriz de relaciones considerada proporcionó una buena conexión de los grupos contemporáneos y demuestra la importancia de tener un número suficiente de generaciones para incrementar esta conectividad.

En la Figura 1 se pueden observar las medias fenotípicas con sus respectivos desvíos estándar para P18, AOL y EGC las cuales fueron de  $250.2 \pm 38.0$  kg,  $25.5 \pm 4.37$ cm<sup>2</sup>,  $4.52 \pm 1.27$  mm,

respectivamente. Los valores encontrados fueron menores a los reportados en otros estudios tanto en búfalos como en bovinos (Bolivar et al 2012; Rebak 2010). El peso a los 18 meses fue similar al reportado por Agudelo et al (2015), quienes reportaron un peso de 256.09 kg en búfalos de la misma edad, representando una diferencia de aproximadamente una diferencia de 5.93 kg, pero con una desviación estándar superior a la que se reporta en este estudio.



**Figura 1.** Distribución, medias, desviaciones estándar y medianas de peso, área de ojo de lomo y espesor de grasa de cadera de búfalos a los 18 meses de edad

Los resultados del estadístico z de la prueba de Geweke (Tabla 2) mostraron que en el proceso de construcción de la cadena existió convergencia para los parámetros ( $p > 0.05$ ).

**Tabla 2.** Prueba de Geweke (valor de Z-score y de  $p$ ) para evaluar la convergencia de los parámetros genéticos de las cadenas utilizadas en los análisis de las características de producción de carne en búfalos.

Característica	Varianza aditiva ( $\sigma^2_A$ )	Varianza residual ( $\sigma^2_e$ )	Heredabilidad ( $h^2$ )
Área de ojo de lomo	- 0.709 ( $p = 0.478$ )	- 0.831 ( $p = 0.406$ )	1.23 ( $p = 0.219$ )
Espesor de grasa de cadera	1.73 ( $p = 0.08$ )	1.32 ( $p = 0.187$ )	- 0.896 ( $p = 0.37$ )
Peso a los 18 meses	- 0.718 ( $p = 0.473$ )	- 0.901 ( $p = 0.368$ )	1.39 ( $p = 0.163$ )

Los estadísticos posteriores para los parámetros de varianza aditiva, varianza residual y heredabilidad para AOL, EGC y P18 se presentan en la Tabla 3. La media y la mediana fueron bastante similares para los tres parámetros de dispersión, evidenciando que las distribuciones marginales posteriores son simétricas como se evidencia en la Figura 2 para las densidades posteriores de la heredabilidad para cada uno de los tres caracteres. Ninguno de los intervalos de alta densidad posterior (95% HPD) para los parámetros  $\sigma^2_A$ ,  $\sigma^2_e$  y  $h^2$  incluyó el 0, lo cual sugiere que ninguno de estos parámetros es cero.

**Tabla 3.** Estadísticos estimados para las distribuciones marginales posteriores de la varianza genética aditiva ( $s^2_A$ ), la varianza del error ( $s^2_e$ ) y la heredabilidad ( $h^2$ ) para las características área de ojo de lomo (AOL), espesor de grasa de cadera (EGC) y peso a los 18 meses (P18) de búfalos

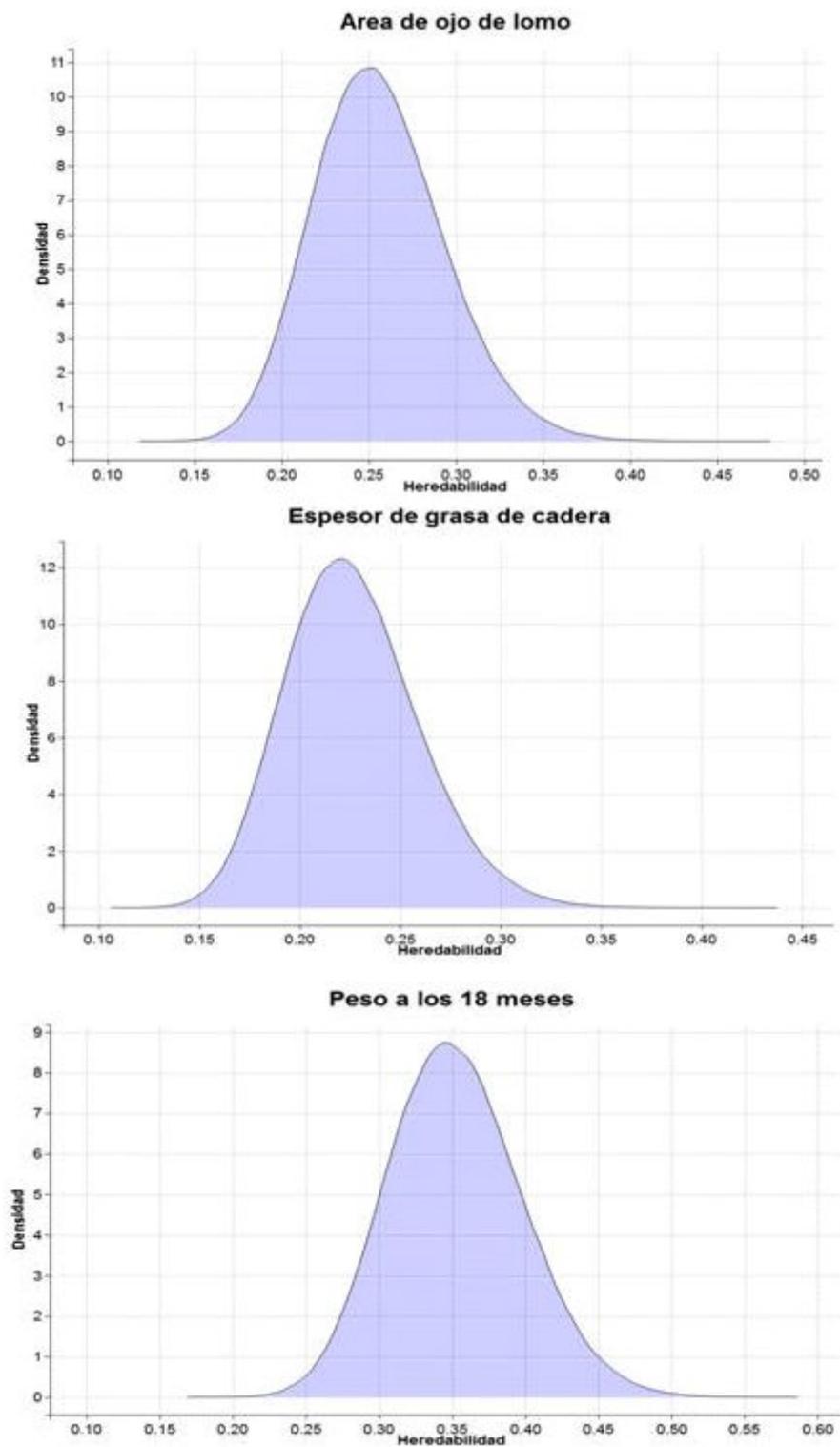
	Media	Mediana	SD	95% HPD
<b>AOL</b>				
$s^2_A$	4.88	4.83	0.671	3.65 - 6.23
$s^2_e$	14.3	14.2	1.72	11 - 17.7
$h^2$	0.256	0.254	0.037	0.185 - 0.331
<b>EGC</b>				
$s^2_A$	0.364	0.332	0.158	0.112 - 0.678
$s^2_e$	1.34	1.34	0.221	0.909 - 1.77
$h^2$	0.214	0.199	0.089	0.075 - 0.397
<b>P18</b>				
$s^2_A$	433	429	56.	326 - 546
$s^2_e$	800	793	104	605 - 1007
$h^2$	0.353	0.351	0.046	0.265 - 0.444

*SD = Desvío Standard; 95% HPD= Intervalo de alta Densidad Posterior*

La media de las distribuciones marginales posteriores para la  $h^2$  fueron 0.256, 0.214 y 0.353 para AOL, EGC y P18, respectivamente. El intervalo de alta densidad posterior para P18 se encontró entre 0.265 y 0.444, valores que coinciden con los reportados por otras estimaciones obtenidas mediante REML tanto para búfalos como para bovinos, Bolívar et al (2012) y Agudelo et al (2015b) encontraron una heredabilidad de 0.42 y 0.44 para búfalos en Colombia, respectivamente, mientras que estudios en bovinos de carne han reportado heredabilidades entre 0.26 y 0.36 (Mackinnon et al 1991; Burrow 2001).

Las características medidas por ultrasonido presentaron un intervalo de alta densidad posterior entre 0.185 - 0.331 y entre 0.075 - 0.397 para AOL y EGC, respectivamente. Para AOL los valores encontrados son inferiores al reportado por Rébak et al (2010) en búfalos, aunque bastante similares a la heredabilidad de 0.31 encontrada en bovinos de la raza

Brangus (Stelzleni et al 2002). Adicionalmente, el intervalo de la heredabilidad encontrado para EGC coinciden con los reportados en otros estudios tanto en búfalos como en bovinos los cuales se encuentran entre 0.26 y 0.36 (Stelzleni et al 2002; Rébak et al 2010).



**Figura 2.** Distribuciones marginales posteriores de la heredabilidad del peso a los 18 meses, área del Ojo del lomo y espesor de grasa de la cadera de búfalos.

En este estudio, los desvíos estándar obtenidos mostraron que todas las estimaciones y la utilización de la metodología bayesiana fueron bastantes precisas, lo cual resulta en una ventaja razonable si se considera que una base de datos con pocos registros afecta considerablemente la distribución de las estimaciones REML debido a que requieren una muestreo considerablemente grande para obtener estimaciones insesgadas (Apiolaza et al 1999; Duangjinda et al 2001). Además, mientras REML proporciona solamente estimaciones puntuales de los parámetros y una aproximación asintótica de las varianzas, el enfoque Bayesiano permite una inferencia más general, dado que está disponible la distribución posterior completa.

Finalmente, en este trabajo se encontraron intervalos de alta densidad posterior para la heredabilidad de los caracteres P18, AOL y EGC con valores medios, los cuales junto con la variabilidad aditiva encontrada sugieren la posibilidad de realizar selección genética para estos caracteres.

### **Agradecimientos**

Los autores agradecen el apoyo financiero del proyecto “Modelos de regresión e índices de selección en ganado bufalino doble propósito en Colombia” 8714-2013-5025, Joven investigador 2014-2015 CODI y Sostenibilidad 2014 del grupo GaMMA (Código E01808).

### **Referencias**

- Agudelo D, Pineda-Sierra S and Cerón-Muñoz M 2015a** Genetic evaluation of dual-purpose buffaloes (*bubalus bubalis*) in Colombia using principal component analysis. *PLoS ONE* 10(7):e0132811. 10.1371/journal.pone.0132811
- Agudelo-Gómez D, Pelicioni R, Buzanskas M, Ferraudo A, Prado Munari D and Cerón-Muñoz M 2015b** Genetic principal components for reproductive and productive traits in dual-purpose buffaloes in Colombia. *Journal of Animal Science* 93:3801-3809.
- Andrighetto C Jorge A, M Roça R D, Rodrigues É, Bianchini W e Francisco C 2008** Características físico-químicas e sensoriais da carne de bubalinos Murrah abatidos em diferentes períodos de confinamento. *Revista Brasileira de Zootecnia* 37(12):2179–2184. <http://doi.org/10.1590/S1516-35982008001200015>
- Angulo R, Agudelo-Gómez D, Cerón-Muñoz M F and Jaramillo-Botero S 2006** Genetic parameters in buffalo calves fed at full milk in beef production system in middle Magdalena region of Colombia. *Livestock Research for Rural Development*. Volume 18, Article #180. Retrieved August 10, 2015, from <http://www.lrrd.org/lrrd18/12/angu18180.htm>
- Apiolaza L, Burdon R D and Garrick D J 1999** Effect of univariate subsampling on the efficiency of bivariate parameter estimation and selection using half-sib progeny tests. *Forest Genetics* 62:79–87.
- Bolívar D, Cerón-Muñoz M, Boligon A, Elzo M and Herrera A 2013** Genetic parameters for body weight in buffaloes *Bubalus bubalis* in Colombia using random regression models. *Livestock Science* 158(1-3):40–49. <http://doi.org/10.1016/j.livsci.2013.10.015>
- Bolívar D M, Cerón-muñoz M F, Ramírez E, Agudelo-Gómez D and Cifuentes T 2012** Genetic parameters for growth traits of buffaloes *Bubalus bubalis* *Artiodactyla Bovidae* in Colombia. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* 25(2):202–209.

- Burrow H M 2001** Variances and covariances between productive and adaptive traits and temperament in a composite breed of tropical beef cattle. *Livestock Production Science* 70(3): 213–233.  
<http://doi.org/10.1016/S0301-62260100178-6>
- Carneiro J M, De Assis G M, Euclides R F, Torres R D e Lopes P S 2007** Estimación de componentes de variância utilizando-se inferência Bayesiana e freqüentista em dados simulados sob heterogeneidade de variâncias. *Revista Brasileira de Zootecnia* 36(5): 1539–1548.  
<http://doi.org/10.1590/S1516-35982007000700012>
- Cruz-Cruz L 2014** The behaviour and productivity of water buffalo in different breeding systems : a review. *Veterinari Medicina* 59(4):181–193.
- Duangjinda M, Misztal I, Bertrand J K and Tsuruta S 2001** The empirical bias of estimates by restricted maximum likelihood Bayesian method and method  $\mathfrak{R}$  under selection for additive maternal and dominance models. *Journal of Animal Science* 79(12): 2991–2996.
- Geweke J 1992** Bayesian Statistics: Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In J. Bernardo J. Berger P. Dawid and A. Smith Eds, 4th ed, pp. 169–193. New York: Oxford University Press.
- Gianola D and Fernando R L 1986** Bayesian methods in animal breeding theory. *Journal of Animal Science* 63(1):217–244.
- Hadfield J D 2010** MCMC methods for multi-response generalized linear mixed models: The MCMCglmm R package. *Journal of Statistical Software*. 33(2): 1–22. <http://www.jstatsoft.org/v33/i02/paper>
- Hanocq E, Boichard D and Foulley J 1996** A simulation study of the effect of connectedness on genetic trend. *Genetic Selection Evolution* 28:67–82. <http://doi.org/10.3923/javaa.2012.1982.1984>
- Kennedy B W and Trus D 1993** Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *Journal of Animal Science* 71(9):2341–2352.
- Mackinnon M, Meyer K and Hetzel D J 1991** Genetic variation and covariation for growth parasite resistance and heat tolerance in tropical cattle. *Livestock Production Science* 27(2-3):105–122.  
<http://doi.org/10.1016/0301-62269190090-D>
- Magaña-Valencia F, Núñez-Domínguez R, Ramírez-Valverde R and Rodríguez-Almeida F 2013** Conectividad en evaluaciones genéticas de animales: 2. comparación de metodologías. *Agrociencia* 47(8):781–794.
- Mattos J, Gutmanis D e Mattos A 1990** Características da carcaça e da carne de bubalinos. In *Reunião Anual Da Sociedade Brasileira de Zootecnia* pp. 711–737.
- Ministerio de Agricultura Colombia 2015** Criadores de búfalos serán parte de la cadena cárnica. <https://www.minagricultura.gov.co/noticias/Paginas/Criadores-de-bufalos.aspx>
- Rébak G, Capellari A and Alarcón A 2010** Exploratory study of ultrasound on properties of meat in buffaloes in the northeast of Argentina. In *9th World Buffalo Congress* pp. 508–510.
- R Core Team 2015** : A Language and environment for statistical computing. <http://www.r-project.org/>.
- Smith B. J 2007** boa : An R Package for MCMC Output Convergence. *Journal of Statistical Software* 21(11): 1–37. <http://www.jstatsoft.org/v21/i11/paper>
- Stelzleni M, Perkins T L, Brown H, Pohlman F W, Johnson Z B and Sandelin B 2002** Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. *Journal of Animal Science* 80(12):3150–3153.
- Wang C S 1994.** Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genetic Selection Evolution* 26(2):91–115.  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2709124/pdf/1297-9686-26-2-91.pdf>

*Received 15 July 2015; Accepted 30 August 2015; Published 1 October 2015*