

LEANDRO BARBOSA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE SUÍNOS UTILIZANDO ABORDAGENS
FREQUENTISTAS E BAYESIANAS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2007

LEANDRO BARBOSA

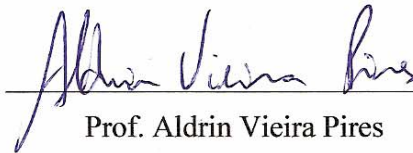
**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE SUÍNOS UTILIZANDO ABORDAGENS
FREQUENTISTAS E BAYESIANAS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 9 de julho de 2007.



Prof. Adair José Regazzi
(Co-orientador)



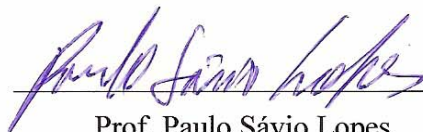
Prof. Aldrin Vieira Pires



Prof. Idalmo Garcia Pereira



Prof. Robledo de Almeida Torres
(Co-orientador)



Prof. Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

“Eu sou a videira verdadeira, e o meu Pai é o agricultor. Todo ramo que não der fruto em mim, ele o cortará e podará todo o que der fruto, para que produza mais fruto”
João 15, 1-2

À Ana Andréa, minha esposa, com muito amor.
Aos meus pais José Barbosa e Edna, com admiração.
Ao meu irmão Oseander, com carinho.

AGRADECIMENTO

Primeiramente, a Deus, por estar sempre presente em todos os momentos da minha vida.

Ao meu amor, Ana Andréa, pelo carinho, pela paciência, pela compreensão, pelo apoio e pela confiança a mim dedicados.

À Universidade Federal de Viçosa e ao programa de Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela orientação, pela amizade, pela atenção, pela paciência, sobretudo pela confiança e pelo apoio, minha eterna admiração e gratidão.

Ao professor Adair José Regazzi, pelos ensinamentos, pelos aconselhamentos, pelos incentivos e pela boa amizade.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pelos aconselhamentos, pela amizade e pelo apoio.

À professora Simone Eliza Facioni Guimarães, pelos ensinamentos, pela atenção, pelo apoio e pela amizade.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela amizade, pelo incentivo e pela orientação durante a iniciação científica.

A toda a minha família, pela formação do meu caráter.

Aos amigos da Zootecnia, Gustavo, Alex, 2mi2, André Luiz, Galego, Rafael, Débora, Ariosto, Cris, Gilberto, Joãozinho, Luciara, Fábio, Virginia, Katiene, Carla,

Mariele, Mario, Rodrigo, Renata, Patrícia, Ana Paula, Ana Luisa, Rodolphinho, Marcelinho, Peloso, Kecya, Guilherme, Aldrin, Claudinho, Jaime, Ricardinho, Policarpo, Urbano, Vicente, Raquel, Mirela, Marcus Vinícius, Elizangela, Gisele, Gelson, Kênia, Carlos, Danielle, Fausto, Fred, Jane, Kleibe e Samuel, pela amizade, pelos trabalhos que realizamos e pelo agradável convívio.

Aos amigos da Genética, Willian, Rodrigo, Adésio, Tatiana, Jacson, Leandro, Carlos, Emmanuel, Edmar, Maurinho, Admilson, Cândida, Fábio, Thiago, Márcia, Giselda, Leonardo, Beatriz, Milene e Newton, pela amizade e pelo agradável convívio.

Aos amigos de grupo contemporâneo e padrinhos de casamento (Lindenberg e Fernanda), pela amizade, pelo agradável convívio e companheirismo.

Aos amigos de longa data, Adhemar, Geléia, Gutinha, Barney, Bilica e Rufião, pela amizade e pelo agradável convívio.

Aos demais professores, funcionários e alunos do Departamento de Zootecnia (DZO), pelo companheirismo, pelo incentivo, pela amizade e por fazer do DZO um ambiente agradabilíssimo de trabalho.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

LEANDRO BARBOSA, filho de José das Virgens Barbosa e Edna Maria Mota Barbosa, nasceu em São Paulo, Estado de São Paulo, em 13 de janeiro de 1978.

Em março de 1996, iniciou o curso de Zootecnia pelo Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica por alguns anos, acompanhando e conduzindo pesquisas no Programa de Melhoramento Genético de Aves do Departamento de Zootecnia da UFV.

Em agosto de 2001, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa.

Em agosto de 2001, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, na área de Melhoramento Genético Animal.

Em 18 de julho de 2003, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa.

Em agosto de 2003, iniciou o curso de Doutorado no programa de Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, na área de Melhoramento Genético Animal.

Em 9 de julho de 2007, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa.

ÍNDICE

RESUMO.....	x
ABSTRACT.....	xii
1 - INTRODUÇÃO GERAL	1
2 - REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Métodos da Máxima Verossimilhança Restrita – REML.....	3
2.2. Método Bayesiano	5
2.3. Modelos Utilizados na Avaliação Genética de Suínos	8
3 - REFERÊNCIAS.....	11

CAPÍTULO I

Avaliação de Modelos para Estimação de Parâmetros Genéticos em Características de Desempenho em Suínos

Resumo	15
Abstract.....	16
Introdução	16
Material e Métodos.....	17
Resultados e Discussão.....	20
Conclusões	25
Referências.....	25

CAPÍTULO II

Estimação de Parâmetros Genéticos em Suínos Usando Amostrador de Gibbs

Resumo	28
Abstract.....	29
Introdução	29
Material e Métodos.....	30
Resultados e Discussão.....	33
Conclusões	40
Referências.....	40

CAPÍTULO III

Estimação de Parâmetros Genéticos em Tamanho de Leitegada de Suínos

Resumo	43
Abstract.....	44
Introdução	44
Material e Métodos.....	46
Resultados e Discussão.....	49
Conclusões	522
Referências.....	522

CAPÍTULO IV

Estimação de Parâmetros Genéticos em Tamanho de Leitegada de Suínos Utilizando Análise de Características Múltiplas

Resumo	56
Abstract.....	57
Introdução	57
Material e Métodos.....	59
Resultados e Discussão.....	61
Conclusões	66
Referências.....	66
4 - CONCLUSÕES GERAIS	70

RESUMO

BARBOSA, Leandro, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2007.
Avaliação genética de suínos utilizando abordagens freqüentistas e bayesianas.
Orientador: Paulo Sávio Lopes. Co-orientadores: Adair José Regazzi e Robledo de Almeida Torres.

Objetivou-se, neste estudo, estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos em características de importância econômica em uma população de suínos da raça Large White. As características avaliadas foram idade para atingir 100 kg de peso vivo (IDA) e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo (ET) como características de desempenho e número de leitões nascidos (NLT) como característica reprodutiva. Para obtenção dos componentes de (co)variância foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio dos programas DFREML e MTDFREML, e o algoritmo Amostrador de Gibbs, por meio do programa MTGSAM. Este estudo foi organizado em quatro capítulos, em que os dois primeiros trataram das características IDA e ET e os dois últimos da característica NLT. No primeiro capítulo, foram utilizados quatro diferentes modelos mistos. Para a escolha do modelo que melhor se ajustou aos dados, foram utilizados o teste da razão de verossimilhança (LRT) e o critério de informação de Akaike (AIC). O modelo que incluiu os efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, além do genético aditivo direto, foi o que melhor se ajustou aos dados. As estimativas de herdabilidades aditiva direta foram médias (em torno de 0,28 e 0,45) e as herdabilidade aditiva materna foram baixas (em torno de 0,06 e 0,05) para IDA e ET, respectivamente. As correlações

entre os efeitos genéticos aditivo direto e aditivo materno foram negativas, evidenciando antagonismo entre esses efeitos. As estimativas para efeito comum de leitegada foram em torno de 0,11 e 0,03 para IDA e ET, respectivamente. No segundo capítulo foi utilizado o algoritmo do Amostrador de Gibbs. O modelo misto utilizado continha efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno, efeito comum de leitegada e efeito residual. As médias das estimativas de herdabilidade aditiva direta foram de 0,33 e 0,44 para IDA e ET, respectivamente. As médias das estimativas do efeito comum de leitegada foram de 0,09 e 0,02 para IDA e ET, respectivamente. A estimativa de correlação genética aditiva entre as características foi próxima de zero (-0,015). No terceiro capítulo foram avaliados dois modelos mistos (modelo aditivo e modelo de repetibilidade) para a característica de tamanho de leitegada. O modelo aditivo foi utilizado para a primeira ordem de parto e continha efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto e efeito residual. O modelo de repetibilidade foi utilizado para a segunda, terceira e quarta ordens de parto e continha os mesmos efeitos do modelo aditivo mais o efeito fixo de ordem de parto e o efeito aleatório não correlacionado de ambiente permanente do animal. As estimativas de herdabilidades aditivas diretas foram de 0,15 e 0,20 para NLT nos modelos aditivo e de repetibilidade, respectivamente. A estimativa do efeito permanente de ambiente da porca (c^2) foi de 0,09. As estimativas de tendências genéticas anuais obtidas nos modelos aditivos e de repetibilidade apresentaram comportamentos similares (em torno de 0,02 leitão/fêmea/ano). No quarto capítulo, o modelo misto continha o efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto e efeito residual. Dados das primeiras quatro partições foram usados para NLT em duas análises, unicaracterísticas e multicaracterísticas separadas em séries de análises bicaracterísticas, com cada partição tratada como característica diferente. As estimativas de herdabilidades aditivas diretas para as diferentes partições variaram de 0,14 a 0,20 nas análises unicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade aditiva direta nas análises multicaracterísticas entre as partições foram consistentes com as estimativas obtidas nas análises unicaracterísticas. Estimativas de correlações fenotípicas foram muito menores comparadas às correlações genéticas. As correlações genéticas foram menores que 0,75 em todas as partições, exceto entre a terceira e a quarta partição, que apresentou correlação alta (0,91). A menor correlação genética foi observada entre a primeira e a segunda ordem de parto (0,60).

ABSTRACT

BARBOSA, Leandro, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, July 2007. **Genetic evaluation of swine using frequentist and bayesian approaches.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-advisers: Adair José Regazzi and Robledo de Almeida Torres.

This study aimed to estimate (co)variance components and genetic parameters for economically important traits of a Large White swine population. The following traits were evaluated: days to 100 kg (DAYS) and backfat thickness adjusted to 100 kg (BF) as performance traits, and total number of born piglets (TNPB) as reproductive trait. (Co)variance components and genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood, with a derivative-free algorithm using the DFREML and MTDFREML software, and by Gibbs Sampling algorithm using MTGSAM software. This study was structured in four chapters, first and second for performance traits and third and fourth for reproductive traits. In the first chapter, four different mixed models were used and Akaike's information criterion (AIC) was used to choose the model that better fits to data. The inclusion of additive maternal genetic and common litter effects, in addition to the additive direct genetic effect, was recommended. The estimative of additive direct heritability were medium (around 0.28 and 0.45) and the maternal heritability were low (around 0.07 and 0.05) for DAYS and BT, respectively. Correlations between additive direct and maternal genetic effects were negative, showing an antagonism between these effects. The estimates of common litter effects were around 0.03 and 0.11 for BF and DAYS, respectively. In the second chapter, the (co)variance components and genetic parameters were estimated by Gibbs Sampling using the MTGSAM software. A mixed model with contemporary group was used as a

fixed effect, while additive direct genetic, additive maternal genetic, common litter and residual as random effects. The additive direct heritabilities for DAYS and BF were 0.33 and 0.44, respectively. The mean estimates of common litter effects for DAYS and BF were 0.09 and 0.02, respectively. The estimate of additive genetic correlation between DAYS and BF was very close to zero (-0.015). In the third chapter, two mixed models (additive and repeatability model) were used to evaluate TNPB using the MTDFREML software. In the additive model, contemporary group was used as a fixed effect, while additive direct genetic and residual as random effects. In the repeatability model, parity order and permanent environment were included as fixed and random effect, respectively. The estimates of additive direct heritabilities were 0.15 and 0.20, for additive and repeatability models, respectively. The fraction of variance due to permanent environmental effects (c^2) was 0.09. The estimates of genetic trends for additive and repeatability models were similar (around of 0.02 piglets/sow/year). In the fourth chapter, a mixed model with contemporary group was used as fixed effects, while additive direct genetic and residual as random effects. Data of the first four parities for TNPB were used in single trait and multitrait analyses, using TNPB in each parity as a different trait. Heritabilities of TNPB in different parities in single trait analyses ranged from 0.14 to 0.20. Estimates of additive direct heritabilities in multitrait analyses were similar to the estimates of single trait analyses. Estimates of phenotypic correlations were lower than genetics correlations. The estimates of genetics correlations were lower than 0.75 for all parities, except between third and fourth parities, which showed high genetic correlation (0.91). The smallest genetic correlation was observed between first and second parities (0.60).

1 – INTRODUÇÃO GERAL

No setor agropecuário, a eficiência do sistema de produção é primordial para a permanência do produtor na atividade; na suinocultura a situação não é diferente, visto que exige o máximo das diversas áreas que englobam o setor suinícola. O melhoramento genético é um dos fatores responsáveis pelos avanços já alcançados, como também é um dos meios mais promissores para o aumento da eficiência na atividade.

O progresso genético obtido está diretamente relacionado com a eficiência de se selecionarem os melhores animais para reprodução. Eficiência esta que se baseia na utilização de critérios adequados de avaliação para tentar identificar os verdadeiros valores genéticos dos animais.

O conhecimento das propriedades genéticas das populações é de extrema importância no melhoramento animal. Assim, é necessário obter o valor genético do animal com o objetivo de classificar os melhores indivíduos, que serão os pais da próxima geração, e quantificar a contribuição destes para o ganho genético. A aplicação da estatística, aliada a programas computacionais, torna-se de fundamental importância no isolamento do componente genético dos demais componentes referentes às diferentes causas que participam do valor fenotípico de cada indivíduo.

É evidente a necessidade não só de implementar bons programas de seleção, como também avaliar os progressos obtidos pela sua implementação. Torna-se importante proceder ao acompanhamento dos progressos genéticos acumulados ao longo do tempo em projetos de seleção, não só como forma de quantificar a mudança genética que vem se processando, mas, principalmente, no sentido de se avaliarem os benefícios e proceder aos ajustes quando necessários (Euclides Filho et al., 1997).

Para planejar e orientar um programa de melhoramento genético é necessário estimar parâmetros genéticos, utilizando-se dados desbalanceados, sujeitos às grandes influências ambientais e de manejo.

A precisão dos estimadores de parâmetros genéticos é dependente de um conjunto de fatores, destacando-se o método de estimação. Há vários métodos para estimação desses componentes genéticos e não-genéticos; todavia, o método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (*Restricted Maximum Likelihood*), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971), é o mais usado atualmente. O REML baseia-se no princípio de maximização do logaritmo da função densidade de probabilidade das

observações, que considera a perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos. Outro método que vem sendo usado para obtenção dos componentes de (co)variância e para avaliação genética baseia-se na teoria bayesiana, iniciada no século XVIII. A inferência bayesiana utiliza métodos probabilísticos para descrever a incerteza sobre o verdadeiro valor de algum parâmetro (Blasco, 2001), considerando-se a existência de conhecimento, ou desconhecimento, inicial a respeito deste.

Objetivou-se, neste estudo, estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos utilizando abordagens frequentistas e bayesianas em características de importância econômica de uma população de suínos da raça Large White.

2 - REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML

Na interpretação de dados experimentais é de grande importância considerar a natureza do modelo que fundamenta as observações. O modelo é uma representação matemática da medida de uma característica qualquer e, por definição, jamais é perfeito. Conforme os efeitos presentes no modelo, este pode ser considerado como fixo, aleatório ou misto. A rigor, todo modelo que contenha a média e o erro associado às observações é considerado misto, porém tal denominação é reservada somente a modelos lineares que contenham outros efeitos fixos e aleatórios, além destes (Searle, 1971). Os modelos mistos são de grande utilidade nas aplicações de melhoramento, por fornecerem, em muitos casos, explicações mais adequadas às observações. Entretanto, muitos pesquisadores optavam por modelos fixos ou aleatórios, sob situações contrárias, quando se deparavam com dificuldades estatísticas oferecidas pelos primeiros (Silva, 1982).

Henderson (1953, 1963, 1973) apresentou o método denominado melhor predição linear não-viesada (*Best Linear Unbiased Prediction - BLUP*), que consiste na predição dos valores genéticos, tomados como aleatórios, ajustando-se os dados, concomitantemente, aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas subclasses. A obtenção do BLUP via metodologia de modelos mistos de Henderson tem sido empregada e recomendada por vários pesquisadores para avaliação genética de suínos (Sorensen & Kennedy, 1986; Keele et al., 1988; Lopes, 1994; Torres Júnior, 1996).

O conhecimento prévio dos componentes de (co)variância é necessário na predição dos valores genéticos, quando são usados métodos de predição como o BLUP. Entretanto, esses componentes geralmente não são conhecidos e podem ser estimados por vários métodos, entre eles o REML, que tem sido recomendado para modelos lineares mistos e dados desbalanceados (Meyer, 1986). Este método consiste em dividir cada observação em duas partes independentes: uma referente aos efeitos fixos e outra aos aleatórios, de maneira que a função densidade de probabilidade das observações é dada pela soma das funções densidade de probabilidade de cada parte. A maximização da função densidade de probabilidade da parte referente aos efeitos aleatórios, em

relação aos componentes de variância, elimina o viés resultante da perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos do modelo (Patterson & Thompson, 1971).

A justificativa para o uso do REML, na estimação desses componentes, é de que as soluções das equações do REML coincidem com os estimadores da análise de variância para dados balanceados, com a vantagem de considerar a perda de graus de liberdade, resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo (Anderson, 1984). Contudo, se os dados não são balanceados, os estimadores são divergentes, conforme atestam Corbeil & Searle (1976). Henderson (1986) acrescenta que esses estimadores são capazes de produzir variâncias amostrais e erros quadráticos médios menores que outros métodos que fornecem estimadores não-viesados.

De acordo com Meyer (1986), o REML é o mais recomendado para dados desbalanceados. A mesma autora considera o método REML mais adequado para estimação de parâmetros genéticos dos dados de melhoramento animal, pois, além de considerar a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos, as estimativas situam-se sempre dentro do espaço paramétrico. Esse método evita erros de pequenas amostras associados aos efeitos fixos e erros provenientes de dados submetidos à seleção. O método tem a notável propriedade, na estimação de parâmetros da população-base, de ser livre de viés devido à seleção (Henderson, 1986).

De modo geral, a obtenção das estimativas pelo REML implica o uso de métodos que demandam grande esforço computacional, em termos de memória e tempo de processamento. Para contornar esse problema, Graser et al. (1987) propuseram um algoritmo para análise de uma característica, no qual o ponto de máximo do logaritmo da função densidade de probabilidade, da parte aleatória das observações, é determinado por meio de sucessivas avaliações da função, a partir de valores atribuídos à razão entre os componentes de variância genética aditiva e residual. Este algoritmo não envolve a derivação da função densidade de probabilidade, em relação aos componentes de variância, para o estabelecimento do sistema de equações; em razão disso, foi denominado *Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood* (DFREML). Boldman et al. (1995) desenvolveram um aplicativo, o *Multiple-Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood* (MTDFREML), para características múltiplas, em modelos com dois ou mais fatores aleatórios.

2.2. Método Bayesiano

A escola bayesiana foi, na prática, fundada por Count Laplace por meio de vários trabalhos publicados de 1774 a 1812, e isso teve um preponderante papel na inferência científica durante o século XIX (Stigler, 1986). Gianola & Foulley (1982) introduziram os métodos bayesianos no melhoramento animal no contexto de característica de limiar; posteriormente, Gianola & Fernando (1986) realçaram as possibilidades de explorar as técnicas bayesianas.

As técnicas bayesianas foram abandonadas no passado porque usualmente requerem complicada resolução de múltiplas integrais, muitas vezes com uso de métodos numéricos (Cantet et al., 1992), que podem não ser de fácil resolução. A recente descoberta da técnica *Monte Carlo Markov Chain* - MCMC (Amostrador de Gibbs e outros) tem dado uma solução para muitos problemas que não foram resolvidos no passado devido à impossibilidade de resolução dessas integrais. Entretanto, surgiram novos problemas que são relacionados à convergência das cadeias de Gibbs. Felizmente, esses novos problemas são facilmente manuseáveis, particularmente quando a distribuição dos dados é normal (Blasco, 2001). Detalhes sobre aplicação dessa técnica na análise de experimentos de seleção podem ser encontrados em Sorensen et al. (1994).

O Amostrador de Gibbs (*Gibbs Sampler*) é um tipo de algoritmo computacional intensivo utilizado para resolver problemas estatísticos, tanto em trabalhos práticos quanto em teóricos. A técnica tem sua origem em 1953, com o trabalho de Metropolis et al. (1953), sendo desenvolvido mais tarde por Hastings (1970), Geman & Geman (1984) e Gelfand & Smith (1990).

O Amostrador de Gibbs é uma técnica indireta para gerar variáveis aleatórias a partir de uma distribuição marginal, sem, no entanto, a necessidade de calcular a sua densidade (ou seja, a função densidade de probabilidade marginal desta variável). Essa técnica é relativamente fácil de ser implementada. Dada a função de máxima verossimilhança e as densidades *a priori*, calcula-se a densidade conjunta *a posteriori* dos parâmetros desconhecidos. A partir dessa densidade, obtém-se a distribuição condicional completa de cada variável, fixando-se as demais variáveis da densidade conjunta. Esse conjunto de densidades condicionais completas permite a implementação do Amostrador de Gibbs. Obtidas as densidades marginais, podem-se calcular estatísticas de interesse das distribuições *a posteriori*. Todos os cálculos necessários

para implementar o Amostrador de Gibbs são feitos com escalares, sem requerer a inversão de matrizes.

A maior dificuldade encontrada atualmente é no tocante a detecção da convergência da(s) cadeia(s) de Gibbs. Assim, os estudos sobre inferência bayesiana têm se voltado para a verificação da convergência de métodos de integração numérica.

Para verificar se a estacionabilidade foi atingida, é necessário examinar a(s) cadeia(s) gerada(s) e verificar se ela(s) apresenta(m) certas características. Uma recomendação comum é descartar a parte inicial da cadeia, a qual é chamada de “burn-in”, e basear os diagnósticos nos elementos restantes da(s) cadeia(s). Teoricamente, uma cadeia de Markov converge para sua distribuição de equilíbrio. Entretanto, na prática, certificar a convergência de uma cadeia, gerada por um Amostrador de Gibbs, não é tarefa fácil (Wang et al., 1994).

Várias formas de monitoramento da convergência são encontradas na literatura. Contudo, infelizmente, esses procedimentos não são totalmente infalíveis (Casella & George, 1992).

Naturalmente, a definição do número de iterações que devem ser descartadas está relacionada com a velocidade de convergência da cadeia. Gelman et al. (1995) sugeriram descartar a primeira metade das iterações; já Van Tassel et al. (1995) descartaram apenas as 100 primeiras iterações de uma cadeia de tamanho igual a 5.000. O Amostrador de Gibbs requer o monitoramento do correto período de “burn-in” (Wolfinger & Kass, 2000). A principal conclusão de vários autores é a dificuldade de saber quando uma cadeia de Gibbs tenha convergido para a distribuição *a posteriori* conjunta.

Na estatística bayesiana não existe distinção entre efeitos fixos e aleatórios; todos os efeitos são considerados como aleatórios. Efeitos considerados fixos no melhoramento animal (rebanho, ano, etc.) são tidos, na estatística Bayesiana, como efeitos aleatórios sobre os quais se tem pouco ou nenhum conhecimento *a priori*, ou seja, *a priori* o pesquisador é indiferente ao provável valor desses efeitos (Gianola & Fernando, 1986).

A interpretação para probabilidades se refere às probabilidades subjetivas, em que é levado em consideração o “grau de confiança” de um determinado indivíduo. As técnicas bayesianas utilizam probabilidades subjetivas, medindo graus de confiança sobre os valores dos parâmetros desconhecidos. Essas probabilidades subjetivas são usadas para definir o que é chamado de distribuição *a priori* para o parâmetro. Então, ao

trabalhar com métodos bayesianos, tem-se o parâmetro desconhecido como uma variável aleatória, cuja distribuição *a priori* (antes de obter os valores observados da amostra) é conhecida. Essa distribuição *a priori* resume o grau de confiança subjetivo sobre o valor desconhecido do parâmetro.

Uma crítica comum da abordagem bayesiana é que a escolha da distribuição *a priori* é bastante subjetiva. Essa objeção está relacionada com o fato que, em alguns casos, a distribuição *a posteriori* é muito sensível à escolha da distribuição *a priori*. Nesse caso, dois pesquisadores, usando o mesmo conjunto de dados, podem chegar a diferentes conclusões se usarem diferentes distribuições *a priori* (Shoemaker, 1999).

Na estatística bayesiana, o conhecimento *a priori* é mais importante quando as informações disponíveis são escassas ou pouco informativas. Quando se tem grande volume de dados (por exemplo, grande número de progênies por reprodutor), as informações *a priori* tendem a ser subjugadas ou dominadas pela função de verossimilhança. O teorema de Bayes fornece uma solução precisa para cada conjunto de dados, independentemente do seu tamanho (Gianola & Fernando, 1986).

A escolha apropriada das distribuições *a priori* é uma questão complicada dentro da inferência bayesiana (Sorensen et al., 1994), principalmente quando são assumidos “priors” não-informativos. Essa escolha pode levar às distribuições *a posteriori* impróprias, de difícil reconhecimento, sobretudo nos métodos de integração numérica.

Segundo Gianola & Fernando (1986), a estatística bayesiana não requer normalidade nem linearidade dos dados. Também, as variâncias não precisam ser conhecidas, elas são estimadas a partir dos dados pelos métodos iterativos. Em relação aos dados de populações selecionadas, os autores afirmam que a distribuição *a posteriori* dos valores genéticos e parâmetros é a mesma com ou sem seleção ou acasalamento controlado. Assim, a estatística bayesiana pode fornecer inferência a respeito dos valores e parâmetros genéticos mesmo na presença de seleção.

Infelizmente, análises mais ricas requerem intensivo custo computacional. Com os rápidos avanços na área computacional, é provável que vários modelos possam ser manipulados eficientemente no futuro (Wang et al., 1994).

A utilização dos métodos bayesianos permite obter, além das estimativas, o intervalo de credibilidade para a distribuição *a posteriori* dos componentes de (co)variância e pode ser mais vantajosa que o método REML quando o arquivo de dados for muito grande e os modelos forem bastante complexos (Van Tassell et al., 1995; Van Tassell & Van Vleck, 1996).

2.3. Modelos Utilizados na Avaliação Genética de Suínos

A eficiência dos programas de melhoramento depende da acurácia com que os indivíduos submetidos à seleção são avaliados. No melhoramento animal, é importante a avaliação do valor genético, que visa classificar os melhores indivíduos, que serão os pais na próxima geração, e quantificar a contribuição destes para o ganho genético. Para isso, torna-se imprescindível o isolamento do componente genético dos demais componentes que participam do valor fenotípico de cada indivíduo (Pires et al., 2000). Segundo esses mesmos autores, modelos mais precisos devem ser propostos para obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis, sobretudo das características reprodutivas. Portanto, estimar os parâmetros genéticos de uma população específica é tão imprescindível quanto obter estimativas dos componentes genéticos mais acurados, pela inclusão de efeitos, como, por exemplo, o permanente de meio e o genético aditivo materno, nos modelos de avaliação genética de suínos.

A obtenção de estimativas não-viesadas dos parâmetros genéticos é primordial para se alcançar sucesso em programas de melhoramento genético. Um aspecto relevante é a definição do modelo que será aplicado ao conjunto de dados. Para estimação dos parâmetros genéticos, a modelagem é um aspecto muito importante e muito difícil na aplicação de modelos lineares (Henderson, 1984). A escolha dos modelos estatísticos a serem utilizados na predição dos valores genéticos da população é um dos primeiros passos para obtenção do sucesso nos programas de melhoramento genético. Quanto à avaliação genética de suínos, na literatura há evidências de que realmente não existe consenso sobre quais efeitos devem ser incluídos nos modelos, razão pela qual é necessária a avaliação para cada situação específica.

Torres Filho et al. (2004), ao avaliarem modelos para estimação de componentes de (co)variância em características de desempenho e reprodutivas em suínos, observaram que, confrontando os resultados obtidos com as informações disponíveis, houve divergência destes, razão da necessidade de se avaliar o modelo a ser utilizado, em cada situação específica.

Ferraz & Johnson (1993) relataram que os procedimentos de modelos mistos podem ser usados na obtenção de estimativas de parâmetros genéticos específicos a populações e também em programas de seleção industriais. Isso pode ser feito pela análise dos dados em diferentes modelos que considerem o efeito genético direto e materno e a correlação entre eles e, ainda, os permanentes ou de ambiente comum,

identificando-se o modelo mais apropriado e usado nas subseqüentes predições do valor genético. Assim, diversos estudos têm sido conduzidos para comparar modelos de estimação de componentes de (co)variância e avaliação genética de suínos (Pires et al., 2000; Pita & Albuquerque, 2001; Torres Filho, 2001).

A escolha de modelos estatísticos contendo fontes de variações importantes, como os efeitos permanentes de meio, pode ser fator decisivo para estimar com menor viés os valores genéticos dos indivíduos de uma população; assim, o progresso genético alcançado certamente será maior do que se essas causas de variações fossem simplesmente ignoradas.

O estudo do efeito materno e de suas implicações desperta atenção de vários pesquisadores, dada a sua importância econômica para animais domésticos e dado seu interesse teórico, uma vez que ainda não há consenso sobre a interpretação e sobre a inclusão do efeito materno nos modelos de avaliação genética.

Na avaliação genética de suínos, ainda não há consenso sobre quais fatores aleatórios e suas correlações devem ser incluídos no modelo. Essa discussão é baseada no fato de que a matriz suína, além de exercer influência genética direta na prole, oferece a seus leitões condições ambientais diferenciadas.

Pires et al. (2000) concluíram que os modelos estatísticos para avaliação de características reprodutivas em suínos devem considerar o efeito materno, a fim de se obterem estimativas mais confiáveis de componentes de (co)variância, de herdabilidade total e de ganho genético esperado, garantindo, assim, maior eficiência à seleção. Por outro lado, Torres Filho (2001), com base nos resultados obtidos no teste da razão de verossimilhança, concluiu que o modelo que inclui os efeitos genético aditivo direto, materno e comum de leitegada é o mais adequado às características de desempenho e idade no primeiro parto.

De acordo com Pita & Albuquerque (2001), o efeito de leitegada é importante fonte de variação para as características de desempenho em suínos na pós-desmama, razão por que devem ser consideradas nos modelos de avaliação genética, com vistas em obter predições acuradas dos valores genéticos dos indivíduos; no entanto, a importância do efeito materno parece ser mais dependente da estrutura do conjunto de dados sob avaliação. Neste trabalho, a correlação entre o efeito genético direto e o materno foi importante apenas para a obtenção de estimativas confiáveis para a correlação genética entre os efeitos genético aditivo direto e materno; considerá-la como nula talvez seja o melhor procedimento na avaliação genética de características em que

o efeito genético materno é essencial, mas de pequena magnitude. Esses autores enfatizaram que outros estudos são necessários para identificar as causas de correlações negativas entre o componente genético aditivo direto e o materno de características de desempenho em suínos, avaliadas pós-desmama.

Diversos autores têm encontrado correlações genéticas negativas entre efeito direto e materno para várias características e raças. Portanto, tem-se sugerido a inclusão do efeito materno nos modelos para estimação de parâmetros genéticos (Cobucci et al., 1997) e para avaliação genética (Roso, 1997).

Roso et al. (1995) observaram que o efeito materno influenciou características de desempenho e de qualidade de carcaça; portanto, este efeito deve ser considerado na escolha do modelo para avaliação genética de suínos.

Uma prática usual na criação de suínos é a uniformização da leitegada, que consiste em redistribuição dos leitões de algumas porcas após o nascimento. Essa prática de manejo pode acarretar mascaramento dos efeitos materno e de leitegada, uma vez que não há controle dos animais que foram redistribuídos. Entretanto, mesmo que a produção de leite seja um dos principais fatores do efeito materno, a literatura ressalta que os fatores pré-natais também são importantes fontes de variação.

Jensen et al. (1994) mostraram como aplicar a inferência bayesiana para modelos que incluem efeitos genéticos direto e materno, usando o Amostrador de Gibbs. Para implementação do Amostrador de Gibbs são obtidas as distribuições *a posteriori* condicionais completas de cada parâmetro individual. Para os efeitos fixos e aleatórios, é obtida uma distribuição normal. Já para as distribuições condicionais das variâncias de efeito permanente de meio e residual, obtém-se uma distribuição gama invertida e, para as variâncias genéticas (materna e direta), uma distribuição de Wishart invertida.

Wang et al. (1994), ao trabalharem com número de leitões nascidos vivos por leitegada, utilizaram o Amostrador de Gibbs num modelo que inclui efeito permanente de meio para obter as distribuições *a posteriori*, considerando componentes de variância conhecidos (estimados via REML) e desconhecidos (com informação *a priori* pouco informativa).

Blasco et al. (1998) utilizaram inferência bayesiana para estimar parâmetros genéticos para tamanho de leitegada em suínos, considerando distribuição normal para efeito permanente de ambiente. Esses mesmos autores não incluíram o efeito materno, por não contribuir na variação da característica.

3 - REFERÊNCIAS

- ANDERSON, R.D. Variance components. In: **USE of mixed model for prediction and for estimation of (co)variance components**. Armidale: University of New England, AGBU, 1984. p.77-145.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, n.8, p.2023-2046, 2001.
- BLASCO, A.; SORENSEN, D.; BIDANEL, J.P. A Bayesian analysis of genetic parameters and selection response for litter size components in pigs. **Genetics**, v.149, p.301-306, 1998.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE L.A.; Van VLECK, L.D. et al. **A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [Draft]**. Lincoln, U.S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service, 1995. 115p.
- CANTET, R.J.C.; FERNANDO R.L.; GIANOLA, D. Bayesian inference about dispersion parameters of univariate mixed models with maternal effects: theoretical considerations. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.107-135, 1992.
- CASELLA, G.; GEORGE, E.I. Explaining the Gibbs Sampler. **The American Statistician**, v.46, p.167-174, 1992.
- COBUCCI, J.A.; OLIVEIRA, A.I.G.; GONÇALVES, T.M. Parâmetros genéticos de características reprodutivas em suínos híbridos - comparação de métodos usados na estimativa. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira. Zootecnia, 34, Juiz de Fora - MG. Jul. 1997. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, p.314-316.
- CORBEIL, R.R.; SEARLE, S.R. A comparison of variance component estimators. **Biometrika**, v.32, n.04, p.779-791, 1976.
- EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L.O.C.; ALVES, R.G.O. et al. Tendências genéticas na raça Indubrasil. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 34, Juiz de Fora - MG. 1997. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, p.171-172.
- FERRAZ, J.B.S.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response selection litter size and weight, growth and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. **Journal of Animal Science**, v.71, p.850-858, 1993.
- GELFAND, A.E.; SMITH, A.F.M. Sampling-based approaches to calculating marginal densities. **Journal of the American Statistical Association**, v.85, p.398-409, 1990.
- GELMAN, A.J.; CARLIN, H.S.; STERN, D.B. **Bayesian data analysis**. Chapman and Hall, London. 1995.

- GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images. **Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v.6, p.721-741, 1984.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theories. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-244, 1986.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Non linear prediction of latent genetic liability with binary expression: An empirical Bayes approach. In: World Congress Genetics Applied Livestock Production, 2nd, Madrid, Spain.1982. **Anais...** Madrid: WCGAP, v.7, p.293-303.
- GRAZER, H.U.; SMITH, S.P.; TIER, B. A derivate-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, v.64, p.1362-1370, 1987.
- HANSTINGS, W.K. Monte Carlo sampling methods using Markov chain and their applications. **Biometrika**, v.57, p.97-109, 1970.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v.17, p.226-252. 1953.
- HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetic advance. In: NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE / NATIONAL RESEARCH COUNCIL – NAS / NRC. Statistical genetics and plant breeding. **Proceedings ...** Washington DC: 1963. p. 141-161.
- HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF Dr. J. L. LUSH, 1973, Blacksburg. **Proceedings...** Champaign: ASAS/ADSA, 1973. p. 10-41.
- HENDERSON, C. R. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.57, p.963-972, 1974.
- HENDERSON, C.R. **Applications of Linear Models in Animal Breeding.** University of Guelph, Ontario, Canada. 1984.
- HENDERSON, C.R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal of Animal Science**, v.63, p.208-216. 1986.
- JENSEN, J.; WANG, C.S.; SORENSEN, D.A. et al. Bayesian inference on variance and covariance for traits influenced by maternal and direct effects, using the Gibbs sampler. **Acta Agriculturae Scandinavica Section A - Animal Science**, v.44, p.193-201, 1994.
- KEELE, J.W., JONHSON, R.K., YOUNG, L.D. Comparison of methods of predicting breeding values of swine. **Journal of Animal Science**, v. 66, p.3040-3048, 1988.

- LOPES, P.S. **Avaliação genética de suínos utilizando metodologia de modelos mistos**. Viçosa, MG: UFV, 1994. 98p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1994.
- METROPOLIS, N.; ROSENBLUTH, A.W.; ROSENBLUTH, M.N. et al. Equations of state calculations by fast computing machines. **Journal Chemical Physics**, v.21, p.1087-1091, 1953.
- MEYER, K. Between algorithms: A “Short Cut” restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. **Journal of Dairy Science**, v.69, p.1904-1916, 1986.
- PATTERSON, H.D., THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- PIRES, A.V.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Avaliação de modelos para estimativas de componentes de (co)variância em características reprodutivas de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.1684-1688, 2000.
- PITA, F.V.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Comparação de diferentes modelos para avaliação genética de características de desempenho pós-desmama em suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1720-1727, 2001.
- ROSO, V.M. Parâmetros genéticos para ganho de peso médio diário e espessura de toucinho em suínos de diferentes grupos raciais. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 34., Juiz de Fora – MG, jul. 1997. **Anais... Juiz de Fora: SBZ**. p.332-334.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A.; MARTINS, E.S. Parâmetros genéticos em características de desempenho e qualidade de carcaça em suínos da raça Duroc. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.24, p.310-316, 1995.
- SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Wiley & Sons, 1971. 532p.
- SHOEMAKER, J.S.; PAINTER, I.S.; WEIR, B.S. Bayesian statistics in genetics. **Bayesian Statistical Methods**. v.15, p.354-358, 1999.
- SILVA, R.G. **Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162p.
- SORENSEN, D.A.; WANG, C.S.; JENSEN, J. et al. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.26, p.333-360, 1994.
- SORENSEN, D.A., KENNEDY, B.W. Analysis of selection experiments using mixed model methodology. **Journal of Animal Science**, v.63, p.245-258, 1986.
- STIGLER, S.M. **The history of statistics: The measurement of uncertainty before 1900**. Cambridge, MA: Harvard University Press, 1986.

- TORRES FILHO, R.A. **Avaliação genética de característica de desempenho e reprodutivas em suínos.** 2001. 81p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- TORRES FILHO. R.A.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. et al. Avaliação de modelos para estimação de componentes de (co)variância em características de desempenho e reprodutivas em suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.350-357, 2004.
- TORRES Jr., R.A.A. **Eficiência das informações de diferentes grupos contemporâneos na avaliação genética de suínos utilizando modelos mistos em procedimentos uni e multivariados.** 1996. 117p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- VAN TASSELL, C.P.; CASELLA, G.; POLLAK, E.J. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, v.78, p.678-692, 1995.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- WANG, C.S.; GIANOLA, D.; SORENSEN, D.A. et al. Response to selection for litter size in Danish Landrace Pigs: A Bayesian analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, v.88, p.220-230, 1994.
- WOLFINGER, R.D.; KASS, R.E. Nonconjugate Bayesian analysis of variance component models. **Biometrics**. v.56, p.768-774, 2000.

CAPÍTULO I

Avaliação de Modelos para Estimação de Parâmetros Genéticos em Características de Desempenho em Suínos

RESUMO

Registros de 38.865 animais da raça Large White foram usados para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. As características avaliadas foram idade para atingir 100 kg de peso vivo (IDA) e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo (ET). Na obtenção dos componentes de (co)variância foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio do programa DFREML. Foram utilizados quatro diferentes modelos mistos. Para escolha do modelo que melhor se ajustou aos dados, foram utilizados o teste da razão de verossimilhança (LRT) e o critério de informação de Akaike (AIC). A inclusão do efeito comum de leitegada e efeito genético aditivo materno no modelo com efeito genético aditivo direto, tanto na análise de característica simples quanto na de múltiplas características, foi significativa para LRT e apresentou menores valores do AIC. Portanto, o modelo que incluiu os efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, além do genético aditivo direto, foi o que melhor se ajustou aos dados. As estimativas da herdabilidade aditiva direta foram médias (em torno de 0,28 e 0,45) e as da herdabilidade aditiva materna, baixas (em torno de 0,07 e 0,05), para IDA e ET, respectivamente. As correlações entre os efeitos genético aditivo direto e aditivo materno foram negativas, evidenciando antagonismo entre esses efeitos. As estimativas para o efeito comum de leitegada foram em torno de 0,03 e 0,11, para ET e IDA, respectivamente.

Palavras-chave: componentes de variância, herdabilidade, modelo animal, modelo misto, REML.

Evaluation of Models to Estimate Genetic Parameters for Performance Traits in Pigs

ABSTRACT

Records of 38,865 Large White pigs were used to estimate (co)variance components and genetic parameters. The following traits were evaluated: days to 100 kg (DAYS) and backfat thickness adjusted to 100 kg (BF). (Co)variance components and genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood, with a derivative-free algorithm using the DFREML software. Four different mixed models were used. Likelihood ratio test (LRT) and Akaike's information criterion (AIC) were used to choose the model that better fits the data. The inclusion of common litter and maternal effects on additive direct model, in both single and multiple trait analyses, were significant by LRT and showed less value for AIC. The inclusion of additive maternal genetic and common litter effects, in addition to the additive direct genetic effect, was better fit to data. The estimates of additive direct heritability were medium (around 0.28 and 0.45) and the maternal heritability were low (around 0.07 and 0.05) for DAYS and BF, respectively. Correlations between additive direct and maternal genetic effects were negative, showing antagonism between these effects. The estimates of common litter effect were around 0.03 and 0.11 for BF and DAYS, respectively.

Keywords: animal model, genetic parameters, heritability, mixed model, REML, variance components

Introdução

A melhoria do potencial genético pode ser alcançada por meio de avaliações genéticas para características relacionadas com o crescimento e posterior seleção dos animais superiores. A avaliação genética depende da disponibilidade de estimativas acuradas de parâmetros genéticos para as características de maior interesse. As acurácias das estimativas desses parâmetros dependem de um conjunto de fatores, destacando-se a quantidade e qualidade das informações, o modelo estatístico e o método de estimação dos componentes de (co)variância utilizados.

A aplicação da estatística, aliada aos programas computacionais, torna-se de fundamental importância na separação do componente genético dos demais

componentes referentes às diferentes causas que participam do valor fenotípico de cada indivíduo. Existem vários métodos de estimação de componentes de (co)variância; todavia, o da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (*Restricted Maximum Likelihood*), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971), que se baseia no princípio de maximização do logaritmo da função densidade de probabilidade das observações, tem sido o mais utilizado (Lopes & Quaas, 1997; Costa et al., 2001; Torres Filho et al., 2004).

De acordo com Meyer (1986), o método REML tem sido o mais recomendado para dados desbalanceados e mais adequado para estimação de parâmetros genéticos dos dados de melhoramento animal, pois, além de considerar a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos, as estimativas caem sempre dentro do espaço paramétrico. Esse método não contém o viés associado aos efeitos fixos em pequenas amostras associadas ou provenientes de dados submetidos à seleção.

Um fator importante na estimação dos parâmetros genéticos é a modelagem (Henderson, 1984). A escolha dos modelos estatísticos a serem utilizados na estimação dos componentes de (co)variância da população e na predição dos valores genéticos dos indivíduos é um dos primeiros passos para uma boa avaliação genética. Quanto à avaliação genética de suínos, não há consenso na literatura quanto aos efeitos aleatórios a serem incluídos nos modelos, razão pela qual é necessária avaliação, para cada situação específica (Pires et al., 2000; Pita & Albuquerque, 2001; Torres Filho, 2001).

Objetivou-se, neste estudo, comparar diferentes modelos mistos, via REML, para estimar parâmetros genéticos para características de desempenho, em uma população de suínos da raça Large White.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são de suínos da raça Large White provenientes de uma granja localizada no oeste do Estado de Santa Catarina.

Os animais nasceram no período de 1996 a 2003. Ao nascimento, os leitões foram submetidos ao seguinte manejo: corte dos dentes, mossagem, pesagem e aplicação de ferro dextrano. Foi também realizada a padronização de leitegada, em que os leitões foram redistribuídos num processo de equalização de leitegada por número e

classe de peso (três classes); até a desmama (± 21 dias) houve outra equalização entre as leitegadas das porcas que pariram na mesma semana.

Os animais foram mantidos na recria até a 12ª semana de idade. A partir dessa idade, os machos foram criados em baias individuais, e as fêmeas, em baias coletivas de 12 animais; quando os animais atingiram 100 kg de peso vivo, foi medida a espessura de toucinho.

Foram avaliadas as características idade para atingir 100 kg de peso vivo e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo.

Como efeito fixo, foi utilizado o grupo contemporâneo, formado pela combinação da semana do ano, com o ano de nascimento e sexo dos animais.

Na obtenção dos componentes de (co)variância foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio do programa DFREML (Meyer, 1998). Foram empregados quatro diferentes modelos mistos, contendo o efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: modelo 1 = efeito genético aditivo direto e residual; modelo 2 = modelo 1, incluindo o efeito comum de leitegada; modelo 3 = modelo 1, incluindo efeito genético aditivo materno; e modelo 4 = modelo 3, incluindo o efeito comum de leitegada.

✓ Modelo 1: $y = Xb + Z_1d + e$;

✓ Modelo 2: $y = Xb + Z_1d + Z_3p + e$;

✓ Modelo 3: $y = Xb + Z_1d + Z_2m + e$;

✓ Modelo 4: $y = Xb + Z_1d + Z_2m + Z_3p + e$, em que:

y = vetor de observações;

b = vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

X = matriz de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

d = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos;

Z_1 = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos;

m = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos;

Z_2 = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos maternos;

p = vetor de efeitos comuns de leitegadas;

Z_3 = matriz de incidência de efeitos comuns de leitegadas; e

e = vetor de efeito residual.

As pressuposições para os efeitos aleatórios são:

$$\begin{bmatrix} d \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} G & C & \phi & \phi \\ C & M & \phi & \phi \\ \phi & \phi & P & \phi \\ \phi & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que: $G = A \otimes G_0$, sendo A uma matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco, de Wright, entre os indivíduos e G_0 uma matriz de (co)variâncias genéticas aditivas diretas; $M = A \otimes M_0$, sendo M_0 uma matriz de (co)variâncias genéticas aditivas maternas; $C = A \otimes C_0$, sendo C_0 uma matriz de (co)variâncias entre efeitos direto e materno; $P = I \otimes P_0$, sendo I uma matriz identidade e P_0 uma matriz de (co)variâncias atribuídas aos efeitos comuns de leitegada; $R = I \otimes R_0$, sendo R_0 uma matriz de (co)variâncias residuais; ϕ é uma matriz de zeros; e \otimes é o operador produto direto (Searle, 1971).

Cada análise foi reiniciada com diferentes valores iniciais, para garantir que os valores dos componentes estimados correspondessem ao máximo absoluto da função de verossimilhança, na tentativa de evitar a convergência para um máximo local. Como critério de convergência foi considerada a variância do “Simplex” inferior a 10^{-9} .

A estatística do teste da razão de verossimilhança (LRT) foi calculada para testar a significância de um modelo i , contendo um parâmetro adicional, comparado com outro modelo j , cujo parâmetro não estava presente.

$$LRT = -2 \log_e L_i - 2 \log_e L_j$$

Comparou-se o valor obtido para a estatística do teste da razão de verossimilhança (LRT) com o valor do qui-quadrado (χ_{Tab}^2) com 1 grau de liberdade, e procedeu-se às conclusões da seguinte maneira: se $LRT > \chi_{Tab}^2$, o efeito tinha influência significativa. O nível máximo de significância utilizado foi 1%.

Uma vez que o teste LRT tende a favorecer modelos com maior número de parâmetros (Olari et al., 1999; Meyer, 2000), foi utilizado o critério de informação de

Akaike (AIC), o qual corrige tal tendência. O AIC envolve máxima verossimilhança e penaliza o número de parâmetros do modelo, sendo dado por:

$$AIC = -2\log_e L + 2p$$

em que: p = número de parâmetros do modelo.

O modelo com menor valor, é considerado o de melhor ajuste.

Resultados e Discussão

A descrição dos dados encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1 – Descrição da estrutura dos dados, médias e desvio-padrão para as características dias para atingir 100 kg e espessura de toucinho em suínos da raça Large White

Item	Valores
Número de observações	38.865
Número de animais	39.381
Grupos contemporâneos	809
Número de porcas	2.684
Número de varrões	318
Número de leitegadas	5.629
Idade para atingir 100 kg (dias)	
<i>Média</i>	143,05
<i>Desvio-padrão</i>	11,25
<i>Coefficiente de variação (%)</i>	7,87
Espessura de toucinho (mm)	
<i>Média</i>	10,38
<i>Desvio-padrão</i>	1,87
<i>Coefficiente de variação (%)</i>	18,03

Na Tabela 2 são apresentados os valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança e o nível de significância e, na Tabela 3, para o critério de informação de Akaike.

Tabela 2 – Valores obtidos para o teste da razão de verossimilhança (LRT) em análise de características simples e múltiplas

LRT	Análise de características simples		Análise de características múltiplas
	IDA	ET	
Modelo 2 vs 1	1096,92**	86,78**	1176,30**
Modelo 3 vs 1	369,94**	74,88**	418,05**
Modelo 4 vs 2	61,35**	56,60**	48,95**
Modelo 4 vs 3	788,32**	68,50**	807,21**

IDA = idade para atingir 100 kg de peso vivo; ET = espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo.

** (P < 0,01)

Tabela 3 – Valores do logaritmo natural da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$) e critério de informação de Akaike (AIC) em análise de características simples e múltiplas nos diferentes modelos avaliados

Modelo	Análise de características simples				Análise de características múltiplas	
	IDA		ET		$\text{Log}_e L$	AIC
	$\text{Log}_e L$	AIC	$\text{Log}_e L$	AIC		
1	-98.947,94	197.701,88	-33.712,89	67.431,80	-132.346,32	264.698,65
2	-98.299,48	196.606,97	-33.669,51	67.347,01	-131.758,17	263.524,35
3	-98.662,97	197.335,94	-33.675,46	67.360,91	-132.137,30	264.282,61
4	-98.268,81	196.549,62	-33.641,21	67.294,41	-131.733,69	263.477,39

IDA = idade para atingir 100 kg de peso vivo; ET = espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo.

A inclusão do efeito comum de leitegada e, ou, efeito genético aditivo materno no modelo com efeito genético aditivo direto foi significativa, tanto na análise de características simples quanto na de múltiplas características, conforme apresentado na Tabela 2. O modelo 4, que inclui os efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, além do genético aditivo direto, é, portanto, o recomendado. Resultados semelhantes foram obtidos por Pires et al. (2000) e Torres Filho et al. (2004). Pelo critério de AIC (Tabela 3), o modelo 4 foi também o mais adequado, pois apresentou menor valor de AIC. Assim, recomenda-se a inclusão dos efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, além do efeito genético aditivo direto, na avaliação genética dessa população de suínos para as características avaliadas, em análises de características simples e múltiplas.

Na Tabela 4 são apresentados os componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos para o modelo que melhor se ajustou aos dados (modelo 4), em análises de características simples e múltiplas.

Tabela 4 – Estimativas de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos usando modelo com efeito genético aditivo direto, genético aditivo materno e comum de leitegada, para idade para atingir 100 kg (IDA) e espessura de toucinho ajustada para 100 kg (ET)

Parâmetros	Análise de características simples		Análise de características múltiplas	
	IDA	ET	IDA	ET
σ_d^2	19,659	1,034	20,055	1,055
σ_e^2	42,311	1,333	42,091	1,322
σ_p^2	70,746	2,344	71,375	2,351
σ_{dm}	-2,934	-0,193	-3,779	-0,221
σ_m^2	3,662	0,105	4,943	0,125
σ_c^2	8,048	0,066	8,063	0,069
h_d^2	0,278	0,441	0,28 (0,028)*	0,45 (0,030)*
h_m^2	0,052	0,045	0,07 (0,011)*	0,05 (0,009)*
r_{dm}	-0,346	-0,586	-0,38 (0,143)*	-0,61 (0,168)*
c^2	0,114	0,028	0,11 (0,006)*	0,030 (0,004)*

σ_d^2 = variância genética aditiva direta, σ_e^2 = variância residual, σ_p^2 = variância fenotípica, σ_{dm} = (co)variância genética aditiva direta e materna, σ_m^2 = variância genética aditiva materna, σ_c^2 = variância de efeito comum de leitegada, h_d^2 = herdabilidade genética aditiva direta, h_m^2 = herdabilidade genética aditiva materna, r_{dm} = correlação entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno, c^2 = proporção atribuída ao efeito comum de leitegada.

* Erro-padrão.

As estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho corrigida para 100 kg de peso vivo foram maiores que as estimativas para dias para atingir 100 kg de peso vivo, o que significa que há maior variação genética aditiva direta em relação à variação total para ET, indicando a possibilidade de se obterem maiores ganhos genéticos por meio de seleção dessa característica nesta população. Costa et al. (2001) também observaram maiores estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho, quando comparadas com características de crescimento.

As estimativas de herdabilidade da espessura de toucinho para este estudo (Tabela 4) foram semelhantes às encontradas por Chen et al. (2002), que trabalharam com um modelo no qual se incluía efeito comum de leitegada e efeito genético aditivo materno, além do efeito genético aditivo direto, em análise unicaracterística. Kennedy et al. (1985) também obtiveram estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho aos 90 kg semelhantes às do presente trabalho, as quais variaram de 0,40 a 0,44, em diferentes raças. Por sua vez, Bryner et al. (1992), ao trabalharem com dados de Yorkshire da estação de teste norte-americana, observaram estimativas de herdabilidade

superiores às do presente trabalho (0,56), porém esses autores trabalharam com um modelo que não incluía efeito comum de leitegada. Lo et al. (1992) também encontraram estimativa de herdabilidade para espessura de toucinho superior (0,54), em um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, em análise unicaracterística. No entanto, Johnson et al. (1999), ao trabalharem com um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, observaram estimativas de herdabilidade de 0,36 para espessura de toucinho. Ferraz & Johnson (1993), ao utilizarem quatro modelos animais para as raças Landrace e Large White, observaram estimativas bastante variáveis (0,39 a 0,50).

As estimativas de herdabilidade aditiva direta para idade para atingir 100 kg de peso vivo concordam com os resultados obtidos por Costa et al. (2001), que constataram estimativa de herdabilidade de 0,27 para a característica peso ajustado aos 70 dias de idade, apesar de esses autores terem utilizado um modelo que não incluía o efeito aditivo materno. Entretanto, Chen et al. (2002) observaram estimativas de herdabilidade aditiva direta superiores (0,36) e estimativas de herdabilidade aditiva materna inferiores (0,01) às encontradas no presente trabalho para a característica idade para atingir 113,5 kg de peso vivo numa população de Large White, quando utilizou modelo completo, que incluía efeito genético aditivo materno e comum de leitegada, além do efeito genético aditivo direto.

A razão entre a variância do efeito comum de leitegada e a variância fenotípica, expressa como proporção da variância total (c^2), está apresentada na Tabela 4. Esses resultados corroboram os encontrados por Chen et al. (2002), que observaram estimativas de c^2 variando de 0,12 a 0,16 para idade para atingir 113,5 kg de peso vivo, em diferentes raças de suínos, quando utilizaram modelo completo, que incluía efeito genético aditivo materno e comum de leitegada, além do efeito aditivo direto. Crump et al. (1997) observaram estimativa média de c^2 de 0,05 para espessura de toucinho em várias análises, o que corrobora os resultados encontrados neste estudo. Por sua vez, Li & Kennedy (1994) obtiveram resultados diferentes dos obtidos no presente trabalho, com médias de efeito comum de leitegada de 0,26 para a característica dias para atingir 100 kg de peso vivo e de 0,10 para espessura de toucinho, em um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, em análise bicaracterística. Johnson et al. (1999) também obtiveram estimativas diferentes das do presente estudo (0,13) para espessura de toucinho em suínos da raça Large White, em um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, em análise unicaracterística. Todavia, Ferraz & Johnson

(1993) observaram que aproximadamente 7% da variação em ganho de peso diário e 5% da variação em espessura de toucinho foram devidas ao efeito comum de leitegada, em suínos das raças Landrace e Large White, quando utilizaram diferentes modelos mistos.

Correlações entre efeitos genéticos aditivo direto e aditivo materno foram negativas para as características avaliadas (Tabela 4), tanto em análise de características simples quanto múltiplas. Crump et al. (1997) observaram correlação média de -0,18 para espessura de toucinho; e Ferraz & Johnson (1993) obtiveram estimativas de -0,26. Entretanto, as estimativas de correlação genética deste estudo foram de maior magnitude, concordando com os resultados obtidos por Chen et al. (2002), que constataram estimativas que variaram de -0,35 a -0,60.

Apesar de o presente trabalho indicar a inclusão dos efeitos comum de leitegada e genético aditivo materno, além do efeito genético aditivo direto, alguns autores (Ferraz & Johnson, 1993; Crump et al., 1997) recomendam que, para fins práticos, o efeito genético aditivo materno e a correlação entre efeito genético aditivo direto e aditivo materno podem ser ignorados para características de desempenho em suínos. Adicionalmente, alguns autores (Robison, 1972; Bryner et al., 1992) têm sugerido que há possível confundimento entre efeito comum de leitegada e efeito genético aditivo materno; assim, seria recomendável a não-inclusão do efeito comum de leitegada nesse tipo de análise. Por outro lado, Roehe & Kennedy (1993) e Chen et al. (2003) apontaram confundimento entre efeito genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno.

Entretanto, se os efeitos genéticos aditivos diretos, aditivos maternos e comum de leitegada são importantes fontes de variação, mas não forem consideradas nas análises, as estimativas de herdabilidade podem ser viesadas e a eficiência da seleção pode ser reduzida. Segundo Souza et al. (1999), ao ignorar o efeito genético aditivo materno, quando na realidade ele existir, pode-se chegar à superestimação das herdabilidades direta e total. Do mesmo modo, esses autores mencionaram que, quando se ignora o efeito comum de leitegada, a análise resulta em valores de herdabilidade materna superestimados.

Assim, recomenda-se a inclusão dos efeitos genéticos aditivos direto e materno e comum de leitegada nas análises de características de desempenho de suínos; quando as análises indicarem a não-inclusão desses efeitos, novas metodologias (por exemplo, inferência bayesiana) poderiam ser implementadas, a fim de se obterem estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis.

As correlações genéticas e fenotípicas existentes entre as características devem ser consideradas no processo de decisão sobre quais características serão incluídas num programa de melhoramento, uma vez que a seleção exercida sobre determinada característica poderá influenciar outras características. Portanto, é importante que se conheçam essas correlações para que se possa planejar melhor as estratégias de seleção em programas de melhoramento de qualquer espécie.

Neste estudo, a estimativa de correlação genética entre ET e IDA foi de 0,10 para o modelo completo (modelo 4), o que sugere uma associação muito baixa entre essas duas características. Isso significa que seleção para uma dessas características não irá inibir o progresso da outra e que seleção simultânea para ambas as características pode ser realizada. Resultado semelhante foi encontrado por Bryner et al. (1992), ao trabalharem com espessura de toucinho e ganho de peso diário.

Conclusões

A inclusão dos efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, no modelo de avaliação genética em suínos da raça Large White, possibilita a obtenção de estimativas mais acuradas dos componentes de (co)variância e uma correta classificação dos animais para fins de seleção e evita superestimação da herdabilidade aditiva direta.

As herdabilidades obtidas para as características de desempenho avaliadas indicam que ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos no melhoramento de suínos da raça Large White para essas características.

Referências

- BRYNER, S.M.; MABRY, J.W.; BERTRAND, J.K et al. Estimation of direct and maternal heritability and genetic correlation for backfat and growth rate in swine using data from centrally tested Yorkshire boars. **Journal of Animal Science**, v.70, p.1755-1759, 1992.
- CHEN, P.; BASS, T.J.; MABRY, J.W. et al. Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2062-2070, 2002.

- CHEN, P.; BASS, T.J.; MABRY, J.W. et al. Genetic parameters and trends for litter size traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. **Journal of Animal Science**, v.81, p.46-53, 2003.
- COSTA, A.R.C.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.49-55, 2001.
- CRUMP, R.E.; HALEY, C.S.; THOMPSON, R. et al. Individual animal model estimates of genetic parameters for reproduction traits of Landrace pigs performance tested in a commercial nucleus herd. **Animal Science**, v.65, p.285-290, 1997.
- FERRAZ, J.B.S.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. **Journal of Animal Science**, v.71, p.850-858, 1993.
- HENDERSON, C.R. **Applications of Linear Models in Animal Breeding**. Ontario, Canada: University of Guelph, 1984.
- JOHNSON, Z.B.; CHEWNING, J.J.; NUGENT, R.A. Genetic parameters for production traits and measures of residual feed intake in Large White swine. **Journal of Animal Science**, v.77, p.1679-1685, 1999.
- KENNEDY, B.W.; JOHANSSON, K.; HUDSON, G.F.S. Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90 kg in performance-tested pigs. **Journal of Animal Science**, v.61, p.78-82, 1985.
- LI, X.; KENNEDY, B.W. Genetic parameters for growth rate and backfat in Canadian Yorkshire, Landrace, Duroc, and Hampshire pigs. **Journal of Animal Science**, v.72, p.1450-1454, 1994.
- LO, L.L.; McLAREN, D.G.; McKEITH, F.K. et al. Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritabilities and correlations. **Journal of Animal Science**, v.70, p.2387-2396, 1992.
- LOPES, P.S.; QUAAS, R.L. Estimação de parâmetros genéticos em aves de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.26, p.1119-1123, 1997.
- MEYER, K. Between algorithms: a “short cut” restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. **Journal of Dairy Science**, v.69, p.1904-1916, 1986.
- MEYER, K. **DFREML**, Version 3.0 β User note. Armidale: Animal Genetics and Breeding Unit, 1998. 33p.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.

- OLORI, V.E.; HILL, W.G.; MCGUIRK, B.J. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, v.61, p.53-63, 1999.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- PIRES, A.V.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Tendências genéticas dos efeitos genéticos diretos e materno em características reprodutivas de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.1689-1697, 2000.
- PITA, F.V.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Comparação de diferentes modelos para avaliação genética de características de desempenho pós-desmama em suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.6, p.1720-1727, 2001.
- ROBISON, O.W. The role of maternal effects in animal breeding: Maternal effects in swine. **Journal of Animal Science**, v.35, p.1303-1315, 1972.
- ROEHE, R.; KENNEDY, B.W. The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. **Journal of Animal Science**, v.71, p.2353-2364, 1993.
- SOUZA, W.H.; PEREIRA, C.S.; BERGMANN, A.G. et al. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.1252-1262, 1999.
- SEARLE, S.R. **Linear Models**. New York: John Wiley & Sons. Inc., 1971. 532p.
- TORRES FILHO, R.A.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. et al. Avaliação de modelos para estimação de componentes de (co)variância em características de desempenho e reprodutivas em suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.350-357, 2004.

CAPÍTULO II

Estimação de Parâmetros Genéticos em Suínos Usando Amostrador de Gibbs

RESUMO

Um total de 38.865 registros de animais da raça Large White foi usado para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características idade para atingir 100 kg de peso vivo (IDA) e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo (ET), em análises bicaracterísticas. Para obtenção dos componentes de (co)variância foi utilizado o Amostrador de Gibbs, por meio do programa MTGSAM. O modelo misto utilizado continha efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno, efeito comum de leitegada e efeito residual. As médias das estimativas de herdabilidade aditiva direta foram de 0,33 e 0,44 para IDA e ET, respectivamente. A média da estimativa da razão entre a variância do efeito comum de leitegada e a variância fenotípica, expressa como proporção da variância total (c^2), foi de 0,09 e 0,02 para IDA e ET, respectivamente. A estimativa de correlação genética aditiva entre as características foi próxima de zero (-0,015).

Palavras-chave: análise bayesiana, desempenho, espessura de toucinho, herdabilidade, idade, intervalo de alta densidade

Estimation of Genetic Parameters in Pigs using Gibbs Sampling

ABSTRACT

A total of 38,865 records of Large White pigs were used to estimate (co)variance components and genetic parameters for days to 100 kg (DAYS) and backfat thickness adjusted to 100 kg (BF), in multiple traits analysis. The (co)variance components and genetic parameters were estimated by Gibbs Sampling using the MTGSAM software. A mixed model with contemporary group was used as a fixed effect, while additive direct genetic, additive maternal genetic, common litter and residual as random effects. The additive direct heritabilities for DAYS and BF were 0.33 and 0.44, respectively. The mean estimates of fraction of variance due to common litter effects (c^2) for DAYS and BF were 0.09 and 0.02, respectively. The estimate of additive genetic correlation between DAYS and BF was very close to zero (-0.015).

Keywords: age, Bayesian analysis, backfat thickness, high-density intervals, heritability, performance

Introdução

Num programa de melhoramento genético, a seleção é o instrumento utilizado na escolha dos melhores animais para reprodução. A eficiência dessa seleção, a qual está intimamente relacionada ao progresso genético a ser obtido, baseia-se na utilização de critérios adequados de avaliação dos animais, que se aproxime o máximo possível do resultado obtido com os verdadeiros valores genéticos dos animais (Costa et al. 2001).

A avaliação genética depende da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos acuradas para as características de maior interesse. A acurácia da estimativa desses parâmetros depende de um conjunto de fatores, destacando-se o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e o método de estimação dos componentes de (co)variância.

A aplicação da estatística aliada aos programas computacionais torna-se de fundamental importância no fracionamento do componente genético dos demais

componentes referentes às diferentes causas que participam do valor fenotípico de cada indivíduo.

Análises estatísticas, para estimação dos componentes de (co)variância, são de grande importância para os geneticistas. Essas análises são geralmente conduzidas numa estrutura de estatística clássica, mas, recentemente, os métodos bayesianos têm se tornado uma opção para solução de problemas relacionados à avaliação de mérito genético em populações de animais, o que tem despertado o interesse na aplicação da estatística bayesiana por parte dos geneticistas. Métodos bayesianos podem ser especialmente avaliados em problemas complexos ou nas situações em que naturalmente não há conformidade com o cenário clássico; muitos problemas genéticos situam-se dentro dessas categorias. Adicionalmente, segundo Shoemaker et al. (1999), as aproximações bayesianas podem ser facilmente interpretadas e têm sido empregadas em muitas áreas da genética, incluindo a classificação de genótipos e estimação do parentesco, em genética de populações e evolução molecular, mapas de ligação, e genética e em quantitativa (incluindo mapeamento de QTL).

A inferência bayesiana, via Amostrador de Gibbs, tem permitido solução para muitos problemas que não foram resolvidos no passado devido à impossibilidade de resolução de múltiplas integrais, na estimação de componentes de (co)variância (Van Tassell & Van Vleck, 1996).

Objetivou-se, neste trabalho, estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de desempenho de uma população de suínos utilizando Amostrador de Gibbs.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são de suínos da raça Large White, provenientes de uma granja localizada no oeste do Estado de Santa Catarina.

Os animais nasceram no período de 1996 a 2003. Ao nascimento, os leitões foram submetidos ao seguinte manejo: corte dos dentes, massagem, pesagem e aplicação de ferro dextrano. Foi também realizada a padronização de leitegada, em que os leitões foram redistribuídos num processo de equalização de leitegada por número e classe de peso (três classes); até a desmama (\pm 21 dias), houve outra equalização entre as leitegadas das porcas que pariram na mesma semana.

Os animais foram mantidos na recria até as 12 semanas de idade. A partir dessa idade, os machos foram criados em baias individuais, e as fêmeas, em baias coletivas de 12 animais; quando os animais atingiram 100 kg de peso vivo, foi medida a espessura de toucinho.

Foram avaliadas as características idade para atingir 100 kg de peso vivo e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo.

Como efeito fixo, foi utilizado o grupo contemporâneo, formado pela combinação da semana do ano com o ano do nascimento e sexo dos animais.

Na obtenção dos componentes de (co)variância foi utilizado o Amostrador de Gibbs, por meio do programa *Multiple Trait Gibbs Sampling for Animal Models* (MTGSAM), descrito por Van Tassell & Van Vleck (1995). O modelo misto utilizado continha efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno, efeito comum de leitegada e efeito residual.

O modelo animal usado na análise foi:

$$y = Xb + Z_1d + Z_2m + Z_3p + e$$

em que:

y = vetor de observações;

b = vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

X = matriz de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

d = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos;

Z_1 = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos;

m = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos;

Z_2 = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos maternos;

p = vetor de efeitos comuns de leitegada;

Z_3 = matriz de incidência de efeitos comuns de leitegada; e

e = vetor de efeito residual.

No modelo animal utilizado, o b é considerado um vetor de efeito “fixo”. No entanto, do ponto de vista bayesiano é na realidade um vetor de efeitos aleatórios no qual os valores da distribuição inicial têm uma *priori* não informativa.

A distribuição condicional de y pode ser assumida como:

$$(y | b, d, m, p, \sigma^2) \sim N[Xb + Z_1d + Z_2m + Z_3p, I_n\sigma^2]$$

Na análise bicaracterística, o modelo pode ser apresentado como segue:

$$E \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1b \\ X_2b \end{bmatrix}$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} d_1 \\ m_1 \\ p_1 \\ e_1 \\ d_2 \\ m_2 \\ p_2 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{d_1}^2 & A\sigma_{d_1m_1} & 0 & 0 & A_{d_1d_2} & A\sigma_{d_1m_2} & 0 & 0 \\ A\sigma_{d_1m_1} & A\sigma_{m_1}^2 & 0 & 0 & A\sigma_{d_2m_1} & A\sigma_{m_1m_2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_c\sigma_{p_1}^2 & 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_{p_1p_2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_{e_1}^2 & 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_{e_1e_2} \\ A\sigma_{d_1d_2} & A\sigma_{d_2m_1} & 0 & 0 & A\sigma_{d_2}^2 & A\sigma_{d_2m_2} & 0 & 0 \\ A\sigma_{d_1m_2} & A_{m_1m_2} & 0 & 0 & A\sigma_{d_2m_2} & A\sigma_{m_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_N\sigma_{p_1p_2} & 0 & 0 & 0 & I_c\sigma_{p_2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_{e_1e_2} & 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

em que: A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright entre os indivíduos; $\sigma_{d_i d_j}$ é a (co)variância entre os efeitos genéticos aditivos diretos das características i e j ; $\sigma_{m_i m_j}$ é a (co)variância entre os efeitos genéticos aditivos maternos das características i e j ; $\sigma_{p_i p_j}$ é a (co)variância entre os efeitos comuns de leitegada das características i e j ; $\sigma_{e_i e_j}$ é a (co)variância entre os efeitos residuais das características i e j e, quando $i=j$, então esses termos referem-se às variâncias; e $\sigma_{d_i m_j}$ são as (co)variâncias entre os efeitos genéticos aditivos diretos e os efeitos genéticos aditivos maternos das características i e j .

A distribuição de Wishart invertida foi usada como distribuição *a priori* para estimação dos componentes de (co)variância, principalmente devido à eficiência computacional, em que uma *priori* não-informativa foi assumida para todos os parâmetros analisados. A densidade de Wishart descreve a distribuição de somas de quadrados e produtos para variáveis aleatórias normalmente distribuídas. Os efeitos aleatórios foram assumidos como tendo distribuição normal multivariada. Os efeitos

residuais foram assumidos como sendo normalmente distribuídos. Usando essas pressuposições, a equação de modelo misto produz soluções BLUE e BLUP para efeitos fixos e aleatórios, respectivamente, contando que as variâncias sejam conhecidas (Gianola & Fernando, 1986; Gianola et al., 1990).

Todos os valores iniciais dos componentes de (co)variância usados no MTGSAM foram obtidos por Barbosa et al. (2006a), quando se utilizou o método REML. O MTGSAM utiliza o método iterativo de Gauss Seidel nas equações de modelos mistos para obter um valor inicial para os efeitos fixos e aleatórios a serem usados no Amostrador de Gibbs.

O número de iterações (cadeias de Gibbs) inicial foi obtido de forma arbitrária, em que foi usada uma única cadeia com 50.000 iterações. O diagnóstico de convergência foi feito pelo método de Raftery & Lewis (1992), usando o algoritmo do software R, o pacote BOA (*Bayesian Output Analysis*) (Smith, 2005).

Resultados e Discussão

A descrição dos dados encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1 – Descrição da estrutura dos dados, médias e desvio-padrão para as características dias para atingir 100 kg e espessura de toucinho em suínos da raça Large White

Item	Valores
Número de observações	38.865
Número de animais	39.381
Número de grupos contemporâneos	809
Número de porcas	2.684
Número de varrões	318
Número de leitegadas	5.629
Dias para atingir 100 kg	
<i>Média</i>	143,049
<i>Desvio-padrão</i>	11,2525
<i>Coefficiente de variação (%)</i>	7,8662
Espessura de toucinho (mm)	
<i>Média</i>	10,383
<i>Desvio-padrão</i>	1,8717
<i>Coefficiente de variação (%)</i>	18,0270

O diagnóstico de convergência pelo método de Raftery & Lewis (1992), quando se utilizou o programa BOA, informou um período de “burn-in” e intervalo amostral menor que 2.760 e 124 iterações, respectivamente, para todos os parâmetros.

Os métodos de Monte Carlo via cadeias de Markov têm sido estudados com aplicações em diversas áreas, porém uma das maiores dificuldades é a verificação empírica da convergência da cadeia (seqüência) à distribuição de equilíbrio.

A inferência bayesiana tem ganhado cada vez mais espaço, sendo utilizada em inúmeros trabalhos, mas os resultados são muitas vezes questionados, pois muitos deles não utilizam, ou mesmo não abordam com clareza, os critérios implementados para verificação da convergência. Outro questionamento feito também seria o de que, em casos de modelos complexos, essa convergência exige um esforço computacional grandioso, necessitando, assim, de máquinas com grande capacidade de memória para executar os processos iterativos das cadeias de Markov. Esses esforços podem ser minimizados com a monitoração da convergência, evitando que as iterações aquém e além das necessárias sejam executadas.

O intervalo amostral permite obter cadeias amostrais virtualmente independentes com baixa correlação serial entre as amostras, permitindo assim convergência mais rápida. Entretanto, segundo Van Arendonk et al. (1996), o uso de amostras de Gibbs virtualmente independentes não é estritamente necessário. A ausência de independência entre os dados amostrais pode ser considerada um problema. Na literatura esse problema tem sido tratado de modo informal, atribuindo-o a um problema computacional (Raftery & Lewis, 1992). O maior entrave em utilizar amostras com presença de autocorrelação entre os valores é de que a estimativa do erro-padrão da média será viesada, pois a variância da média é viesada. Estimativas para esta variância são fornecidos em Carlin & Louis (2000).

Se o número de iterações especificadas é adequado, as médias amostrais *a posteriori* serão válidas estimativas da distribuição *a posteriori* dos parâmetros. A acurácia dessa estimativa pode ser verificada usando o erro de Markov (Sorensen et al., 1994). O erro ocorre em função do número de iterações usados na cadeia de Gibbs; por essa razão, é inversamente proporcional ao comprimento da cadeia. Neste estudo, foi observado baixo erro de Markov (Tabelas 2 e 3), demonstrando relativa acurácia nas estimativas *a posteriori* dos parâmetros.

Nas Tabelas 2 e 3 são apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos via Amostrador de Gibbs em análise bicaracterística; e na Tabela 4 encontra-se as

estimativas dos componentes de (co)variâncias para as características idade para atingir 100 kg de peso vivo e espessura de toucinho em análise bicaracterística.

Adicionalmente, a densidade *a posteriori* permite construir intervalos de confiança e, ou, de alta densidade (Wang et al., 1993; Jensen et al., 1994; Sorensen et al., 1994; Van Tassell et al., 1995; Van Tassell & Van Vleck, 1996).

Tabela 2 – Média, mediana, moda, desvio-padrão, erro de Markov e intervalo de alta densidade das estimativas dos parâmetros genéticos para a característica idade para atingir 100 kg em análise bicaracterística

Parâmetros ¹	Média	Desvio- padrão	Erro de Markov	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
σ_d^2	26,45	3,057	0,373	26,26	27,59	19,88	31,63
σ_e^2	38,96	1,517	0,180	39,02	37,69	36,33	42,13
σ_p^2	80,38	2,254	0,244	80,33	79,68	75,98	84,28
σ_{dm}	-6,58	1,402	0,176	-6,82	-7,03	-9,67	-4,29
σ_m^2	7,42	1,034	0,123	7,37	6,92	5,76	9,64
σ_c^2	7,54	0,399	0,024	7,54	7,73	6,90	8,37
h_d^2	0,33	0,031	0,004	0,33	0,33	0,26	0,38
h_m^2	0,09	0,014	0,001	0,09	0,09	0,07	0,11
c^2	0,09	0,006	0,001	0,09	0,09	0,08	0,10

¹ σ_d^2 = variância genética aditiva direta; σ_e^2 = variância residual; σ_p^2 = variância fenotípica; σ_{dm} = covariância genética aditiva direta e materna; σ_m^2 = variância genética aditiva materna; σ_c^2 = variância do efeito comum de leitegada; h_d^2 = herdabilidade genética aditiva direta; h_m^2 = herdabilidade genética aditiva materna; c^2 = proporção atribuída ao efeito comum de leitegada.

Tabela 3 – Média, mediana, moda, desvio-padrão, erro de Markov e intervalo de alta densidade das estimativas dos parâmetros genéticos para a característica espessura de toucinho em análise bicaracterística

Parâmetros ¹	Média	Desvio-padrão	Erro de Markov	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
σ_d^2	1,24	0,095	0,010	1,23	1,23	1,08	1,44
σ_e^2	1,23	0,049	0,005	1,23	1,24	1,14	1,32
σ_p^2	2,76	0,069	0,007	2,76	2,71	2,62	2,89
σ_{dm}	-0,35	0,047	0,006	-0,34	-0,33	-0,44	-0,26
σ_m^2	0,23	0,031	0,004	0,23	0,23	0,18	0,29
σ_c^2	0,06	0,009	0,001	0,06	0,06	0,04	0,07
h_d^2	0,44	0,025	0,002	0,44	0,45	0,40	0,49
h_m^2	0,08	0,010	0,001	0,08	0,08	0,07	0,10
c^2	0,02	0,005	0,001	0,02	0,02	0,01	0,03

¹ Conforme a Tabela 2.

Tabela 4 – Média, mediana, moda, desvio-padrão, erro de Markov e intervalo de alta densidade das estimativas dos componentes de (co)variâncias

Parâmetros ¹	Média	Desvio-padrão	Erro de Markov	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
$\sigma_{d_1d_2}$	-0,09	0,359	0,010	-0,08	-0,04	-0,81	0,55
$\sigma_{m_1m_2}$	0,62	0,125	0,015	0,63	0,71	0,39	0,85
$\sigma_{c_1c_2}$	0,24	0,041	0,003	0,24	0,25	0,16	0,31
$\sigma_{e_1e_2}$	0,94	0,186	0,020	0,94	0,91	0,58	1,26

¹ $\sigma_{d_1d_2}$ = (co)variância entre os efeitos genéticos aditivos diretos das características 1 e 2; $\sigma_{m_1m_2}$ = (co)variância entre os efeitos genéticos aditivos maternos das características 1 e 2; $\sigma_{c_1c_2}$ = (co)variância entre os efeitos comuns de leitegada das características 1 e 2; $\sigma_{e_1e_2}$ = (co)variância entre os efeitos residuais das características 1 e 2.

As médias, medianas e modas das estimativas dos parâmetros genéticos foram similares, conforme o esperado para uma densidade marginal *a posteriori* que segue distribuição normal (Carlin & Louis, 2000).

Neste estudo, a estimativa de correlação genética aditiva direta entre ET e IDA foi de -0,015, o que sugere uma associação muito baixa entre essas duas características. Isso significa que seleção para uma dessas características não irá inibir o progresso genético da outra e que a seleção simultânea para ambas as características pode ser realizada. Bryner et al. (1992) também observaram baixa associação entre as características espessura de toucinho e ganho de peso diário (-0,05) em análise via REML.

As estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho corrigida para 100 kg de peso vivo (ET) foram maiores que as estimativas para dias para atingir 100 kg de peso vivo (IDA), o que significa que há maior variação genética aditiva direta em relação à variação total para ET, indicando a possibilidade de se obterem maiores ganhos genéticos por meio de seleção dessa característica nesta população. Costa et al. (2001) também observaram maiores estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho, quando comparadas com características de crescimento, em análise via REML.

Os resultados obtidos neste estudo foram similares aos de Chen et al. (2002), que trabalharam com análise unicaracterística, via REML; já Kennedy et al. (1985), ao trabalharem com diferentes raças, via REML, obtiveram estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho aos 90 kg semelhantes às do presente trabalho, as quais variaram de 0,40 a 0,44. Contudo, as estimativas de herdabilidade aditiva direta e aditiva materna obtidas neste estudo, usando o Amostrador de Gibbs, foram superiores às encontradas por Barbosa et al. (2006b) ao utilizarem avaliação REML, para o mesmo banco de dados.

Por sua vez, Bryner et al. (1992), ao trabalharem com dados de Yorkshire da estação de teste norte-americana, observaram estimativa REML de herdabilidade para espessura de toucinho, superior a do presente trabalho (0,56), porém esses autores trabalharam com um modelo que não incluía efeito comum de leitegada. Lo et al. (1992) também encontraram estimativa REML, para espessura de toucinho, superior (0,54) em um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, em análise unicaracterística. No entanto, Johnson et al. (1999), ao trabalharem com um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, observaram estimativa

REML de 0,36 para espessura de toucinho. Todavia, Ferraz & Johnson (1993), ao utilizarem quatro modelos animais para avaliação da característica espessura de toucinho nas raças Landrace e Large White, observaram estimativas bastante variáveis (0,39 a 0,50).

Neste estudo, as médias das estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho (Tabela 3) foram superiores às encontradas por Janss et al. (1997) e por Gonçalves et al. (2005), que observaram estimativa de herdabilidade em torno de 0,24, quando utilizaram o Amostrador de Gibbs em um modelo poligênico que incluía somente efeito genético aditivo direto. Lutaaya et al. (2001) também observaram estimativas de herdabilidade, para espessura de toucinho em suínos Large White, menores que as encontradas no presente estudo (0,35), ao trabalharem com um modelo que incluía efeito comum de leitegada, além do efeito genético aditivo direto, quando utilizaram Amostrador de Gibbs.

A estimativa de variância devido ao efeito comum de leitegada encontrada neste estudo (Tabela 3), para a característica espessura de toucinho, foi semelhante à obtida por Lutaaya et al. (2001), que observaram valores em torno de 0,07 para a raça Large White em um modelo que não incluía efeito materno. Entretanto, esses mesmos autores observaram estimativas de variância genética aditiva direta, residual e fenotípica, inferiores às encontradas no presente trabalho.

Fernandez et al. (2002), ao trabalharem com um modelo que não incluía efeito materno na característica peso aos 120 dias de idade, observaram estimativas de herdabilidade semelhantes às encontradas no presente trabalho para a característica idade para atingir 100 kg de peso vivo. No entanto, os intervalos de alta densidade obtidos por esses autores foram maiores (0,128:0,547) que do presente trabalho (0,26:0,38), possivelmente devido ao pequeno número de observações (1.615 vs 38.685 do presente trabalho).

A razão entre a variância do efeito comum de leitegada e a variância fenotípica (c^2) para a característica IDA corrobora o resultado obtido por Fernandez et al. (2002), os quais observaram valor igual a 0,084, utilizando modelo que não incluía efeito materno. No entanto, o intervalo de alta densidade (0,006:0,163) obtido por esses autores foi maior que o encontrado no presente estudo (0,08:0,10).

As (co)variâncias entre o efeito genético aditivo direto e o aditivo materno foram negativas para as características avaliadas, sendo de maior magnitude para espessura de toucinho. Isso indica que, se um programa de seleção considerar

somente os efeitos genéticos aditivos diretos, a habilidade materna de seus animais poderá ser reduzida nos indivíduos das gerações seguintes.

Conclusões

As herdabilidades obtidas para as características de desempenho avaliadas indicam que ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos no melhoramento de suínos da raça Large White para essas características. As estimativas obtidas via Amostrador de Gibbs permitiram maior robustez em modelos complexos (nos quais se incluem efeitos genético materno e comum de leitegada, em adição ao efeito genético aditivo direto) e possibilitaram estimativas acuradas dos parâmetros genéticos, além de permitirem a construção de intervalos de alta densidade.

Referências

- BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; CARNEIRO, P.C.S. et al. Avaliação de modelos para estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 43, João Pessoa – PB, Jul. 2006a. **Anais...** João Pessoa: SBZ.
- BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J. et al. Estimation of genetic parameters for performance traits in pigs by gibbs sampling and restricted maximum likelihood. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 8th, Belo Horizonte – MG, August, 2006b. **Anais...** Belo Horizonte: WCGALP.
- BRYNER, S.M.; MABRY, J.W.; BERTRAND, J.K. et al. Estimation of direct and maternal heritability and genetic correlation for backfat and growth rate in swine using data from centrally tested Yorkshire boars. **Journal of Animal Science**, v.70, p.1755-1759, 1992.
- CARLIN, B. P.; LOUIS, T. A. **Bayes and empirical bayes methods for data analysis**. 2. ed. London: Chapman and Hall, 2000. 419 p.
- CHEN, P.; BASS, T.J.; MABRY, J.W.; et al. Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2062-2070, 2002.

- COSTA, A.R.C.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.49-55, 2001.
- FERNÁNDEZ, A.; RODRIGÁÑEZ, J.; TORO, M.A. et al. Inbreeding effects on the parameters of the growth function in three strains of Iberian pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2267-2275, 2002.
- FERRAZ, J.B.S.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. **Journal of Animal Science**, v.71, p.850-858, 1993.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theories. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-244, 1986.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L.; FOULLEY, J.L., 1990: Mixed models methodology and the Box-Cox theory of transformations: a Bayesian approach. In: GIANOLA, D.;HAMMOND, K. (eds), **Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock**, Springer-Verlag, Berlin. p. 15-40.
- GONÇALVES, T.M.; OLIVEIRA, H.N.; BOVENHUIS, H. et al. Comparação de diferentes estratégias para a análise de características de crescimento e de carcaça de suínos cruzados: modelos finito e infinitesimal poligênico. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1531-1539, 2005.
- JANSS, L.L.G.; VAN ARENDONK J.A.M.; BRASCAMP, E.W. Bayesian statistical analyses for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. **Genetics**, v.145, p.395-408, 1997.
- JENSEN, J.; WANG, C.S.; SORENSEN, D.A.; et al. Bayesian inference on variance and covariance for traits influenced by maternal and direct effects, using the Gibbs sampler. **Acta Agriculturae Scandinavica Section A - Animal Science**, v.44, p.193-201, 1994.
- JOHNSON, Z.B.; CHEWNING, J.J.; NUGENT, R.A. Genetic parameters for production traits and measures of residual feed intake in Large White swine. **Journal of Animal Science**, v.77, p.1679-1685, 1999.
- KENNEDY, B.W.; JOHANSSON, K.; HUDSON, G.F.S. Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90 kg in performance-tested pigs. **Journal of Animal Science**, v.61, p.78-82, 1985.
- LO, L.L.; McLAREN, D.G.; McKEITH, F.K.; et al. Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritabilities and correlations. **Journal of Animal Science**, v.70, p.2387-2396, 1992.

- LUTAAYA, E.; MISZTAL, I.; MABRY, J.W. et al. Genetic parameter estimates from joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine using the crossbred model. **Journal of Animal Science**, v.79, p.3002-3007, 2001.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS S. **How many iterations in the Gibbs sampler?**, in: Bernardo J.M., Berger J.O., Dawid A.P., Smith A.F.M. (Eds.), *Bayesian Statistics 4*, Oxford University Press, Oxford, 1992, p. 763-773.
- SHOEMAKER, J.S.; PAINTER, I.S.; WEIR, B.S. Bayesian statistics in genetics. **Bayesian Statistical Methods**, v.15, p.354-358, 1999.
- SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC**. Disponível em: <<http://www.public-health.uiowa.edu/boa/boa>>. Version 1.1.5-2: 2005.
- SORENSEN, D.A.; WANG, C.S.; JENSEN, J.; et al. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.26, p.333-360, 1994.
- VAN ARENDONK, J.A.M.; VAN ROSMEULEN, C.; JANSSE, L.L.G. et al. Estimation of direct and maternal genetic (co) variances for survival within litters of piglets. **Livestock Production Science**, v.46, p.163- 171, 1996.
- VAN TASSEL, C.P., CASELLA, G., POLLAK, E.J. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, 78: 678-692, 1995.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance components estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995, 86p.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- WANG, C.S.; RUTLEDGE, J.J.; GIANOLA, D. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.25 p.41, 1993.

CAPÍTULO III

Estimação de Parâmetros Genéticos em Tamanho de Leitegada de Suínos

RESUMO

Registros de animais da raça Large White foram usados para estimar componentes de variância, parâmetros e tendências genéticas para a característica número total de leitões nascidos (NLT), como medida do tamanho de leitegada. Na obtenção dos componentes de variância e parâmetros genéticos foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio do programa MTDFREML. Foram avaliados dois modelos mistos (aditivo e de repetibilidade). O modelo aditivo continha efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto e efeito residual para o primeiro parto. O modelo de repetibilidade continha os mesmos efeitos do modelo aditivo mais o efeito fixo de ordem de parto e o efeito aleatório não correlacionado de ambiente permanente do animal para o segundo, terceiro e quarto parto. As estimativas de herdabilidades aditivas diretas para NLT foram de 0,15 e 0,20 para o modelo aditivo e de repetibilidade, respectivamente. A estimativa da razão entre a variância do efeito não correlacionado de ambiente permanente do animal e a variância fenotípica, expressa como proporção da variância total (c^2), foi de 0,09. As estimativas de tendências genéticas anuais obtidas nos modelos aditivos e de repetibilidade apresentaram comportamentos similares (em torno de 0,02 leitão/fêmea/ano).

Palavras-chave: características reprodutivas, herdabilidade, modelo de repetibilidade, número de leitões nascidos, REML, tendência genética

Estimation of Genetic Parameters for Litter Size in Pigs

ABSTRACT

Records of Large White pigs were used to estimate variance components, genetic parameters and genetic trends for total number of born piglets (TNPB). The variance components and genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood, with a derivative-free algorithm, using the MTDFREML software. Two mixed models (additive and repeatability models) were evaluated. In the additive model, contemporary group was used as a fixed effect, while additive direct genetic and residual were used as random effects. In the repeatability model, parity order and permanent environment were included as fixed and random effect, respectively. The estimates of additive direct heritabilities for TNPB were 0.15 and 0.20, for the additive and repeatability models, respectively. The estimate of fraction of variance due to permanent environmental effects (c^2) was 0.09. The estimates of genetic trends for additive and repeatability models were similar (around of 0.02 piglets/sow/year).

Keywords: genetic trends, heritability, number of born piglets, repeatability model, reproductive traits, REML

Introdução

Nos últimos anos, os programas de melhoramento de suínos têm enfatizado a seleção em características de fertilidade nas linhas fêmeas (Sorensen et al., 2000). Apesar de ser reconhecido que a fertilidade engloba um conjunto de características, um dos esforços para melhorar o desempenho reprodutivo de porcas tem sido a seleção para tamanho de leitegada. Isso se deve ao fato de que o tamanho de leitegada é facilmente mensurável e, parcialmente, ao fato de que alguns estudos têm indicado que este é o mais importante componente econômico do desempenho reprodutivo em porcas (Bichard et al. 1983; Smith et al. 1983; Tess et al. 1983).

Segundo Holm et al. (2005), o tamanho de leitegada tem sido responsável por 29% dos ganhos genéticos nos últimos anos.

O tamanho de leitegada é o principal componente de produtividade da porca, e o melhoramento genético desta característica é um importante objetivo no melhoramento de suínos. Assim, o conhecimento sobre os parâmetros genéticos do tamanho de leitegada é necessário para estimar acurados valores genéticos, a fim de otimizar o sistema de melhoramento e predizer resposta genética à seleção (Roehe & Kennedy, 1995).

Avaliações para tamanho de leitegada em suínos são realizadas em muitos experimentos e programas de melhoramento, usando modelo animal de repetibilidade sem o efeito genético materno (Ducos et al., 1992). A influência materna no tamanho da leitegada não tem sido claramente estabelecida, mas em geral tem sido aceito que o efeito genético materno seria negativamente correlacionado com o efeito genético direto (Haley et al., 1988).

As estimativas de herdabilidade observadas na literatura para tamanho de leitegada têm variado de 0,00 a 0,76, com média de 0,10 (Rothschild & Bidanel, 1998). Essas variações são observadas em razão do número e qualidade das observações, dos modelos e dos métodos de estimação. Adicionalmente, há controvérsia na literatura sobre considerar tamanho de leitegada de diferentes partições como medidas repetidas da mesma característica (Southwood & Kennedy, 1990; See et al., 1993; Crump et al., 1997) ou como diferentes características (Irgang et al., 1994; Roehe & Kennedy, 1995; Rydhmer et al., 1995).

As magnitudes da correlação genética entre partições são importantes para o melhor processo de avaliação genética em programas de seleção, afim de melhorar o tamanho de leitegada em suínos. Na literatura, correlação genética para tamanho de leitegada entre partições geralmente excede 0,70, exceto em alguns casos, entre primeira e posteriores partições (Alfonso et al., 1997; Irgang et al., 1994; Knap et al., 1993; Roehe & Kennedy, 1995; Tholen et al., 1996; Hanenberg et al., 2001).

Segundo Lukovic et al. (2004), o tamanho de leitegada na primeira partição deveria ser considerado geneticamente diferente do tamanho de leitegada em partições posteriores, visto que a correlação genética entre a primeira e as posteriores partições tem variado de 0,66 a 0,80. Baixas correlações genéticas entre a primeira e a segunda ou a terceira partição (de 0,55 a 0,74) foram também observadas por Alfonso et al. (1994) e Hermes et al. (2000). Irgang et al. (1994) também encontraram baixa correlação genética entre a primeira e a segunda partição (0,50). De acordo com Duc et al. (1998), essas moderadas correlações genéticas entre a primeira e as demais

parições indicam ligeira diferença no controle genético na primeira parição. Todavia, Hermes et al. (2000) observaram alta correlação genética (0,95) para tamanho de leitegada entre a segunda e a terceira parição e sugerem que essas características (segunda e posteriores parições) devem ser tratadas como medidas repetidas.

Alfonso et al. (1997) e Ehlers et al. (2005) confirmam a adequacidade de um simples modelo de repetibilidade na seleção para tamanho de leitegada em suínos. Em situações práticas, como nos programas nacionais de avaliação genética do Canadá (*Canadian Center for Swine Improvement*), da Austrália (*National Pig Improvement Program*) e dos Estados Unidos (*Swine Testing e Genetic System*), são consideradas leitegadas de diferentes parições como medidas repetidas da mesma característica.

Objetivou-se, neste trabalho, estimar componentes de variância, parâmetros e tendências genéticas para tamanho de leitegada em uma população de suínos, utilizando modelo aditivo para primeira ordem de parto e modelo de repetibilidade para as demais ordens de parto.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são de suínos da raça Large White, provenientes de uma granja localizada no oeste do Estado de Santa Catarina.

Os animais nasceram no período de 1996 a 2006. Ao nascimento, os leitões foram submetidos ao seguinte manejo: corte dos dentes, mossagem, pesagem e aplicação de ferro dextrano. Foi também realizada a padronização de leitegada, em que os leitões foram redistribuídos num processo de equalização de leitegada por número e classe de peso (3 classes); até a desmama (± 21 dias), houve outra equalização entre as leitegadas das porcas que pariram na mesma semana.

Foi avaliada a característica número total de leitões nascidos (vivos + mortos) como medida do tamanho de leitegada. Foram usadas somente as observações das quatro primeiras parições, em razão do pequeno número de observações nas parições subseqüentes, por se tratar de granja núcleo.

Como efeitos fixos, foram utilizados o grupo contemporâneo (formado pela combinação do ano com a semana de parição do animal) e a ordem de parto.

Na obtenção dos componentes de variância foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio do programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). Os modelos utilizados são descritos a seguir:

➤ Modelo Aditivo (1º Parto):

$$y_{ij} = \mu + GC_i + d_j + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} = característica observada no animal j , no grupo contemporâneo i ;

μ = constante inerente a toda observação;

GC_i = efeito fixo de grupo contemporâneo i , $i=1$ a 517;

d_j = efeito aleatório aditivo no animal j , $j=1$ a 3196; e

e_{ij} = erro aleatório associado a cada observação.

➤ Modelo de Repetibilidade (2º, 3º e 4º partos):

$$y_{ijkl} = \mu + GC_i + OP_j + d_k + p_l + e_{ijkl}$$

em que:

y_{ijkl} = característica observada no animal k , na ordem de parto j , no grupo contemporâneo i , no efeito não correlacionado devido ao ambiente permanente l ;

OP_j = efeito fixo de ordem de parto j , $j = 2,3,4$;

d_k = efeito aleatório aditivo no animal k , $k = 1$ a 3355;

p_l = efeito não correlacionado devido ao ambiente permanente do animal l , $l = 1$ a 1711.

Os demais termos estão definidos no modelo aditivo.

Matricialmente, podem-se representar os modelos da seguinte forma:

✓ Modelo 1: $y = Xb + Z_1d + e$;

✓ Modelo 2: $y = Xb + Z_1d + Z_2p + e$;

em que:

y = vetor de observações;

b = vetor de efeitos fixos;

X = matriz de incidência de efeitos fixos;

d = vetor de efeitos genéticos aditivos;

Z_1 = matriz de incidência de efeitos genéticos;

Z_2 = matriz de incidência de efeitos de ambiente permanente do animal;

p = vetor de efeitos de ambiente permanente do animal; e

e = vetor de efeito residual.

As pressuposições para os efeitos aleatórios são:

$$\begin{bmatrix} d \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} G & \phi & \phi \\ \phi & P & \phi \\ \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que: $G = A\sigma_d^2$, sendo A uma matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco, de Wright, entre os animais e σ_d^2 a variância genética aditiva; $P = I\sigma_c^2$, sendo I uma matriz identidade e σ_c^2 a variância atribuída aos efeitos não correlacionados de ambiente permanente do animal; e $R = I\sigma_e^2$, sendo σ_e^2 a variância residual e ϕ uma matriz de zeros (Searle, 1971).

Cada análise foi reiniciada com diferentes valores iniciais, para garantir que os valores dos componentes estimados correspondessem ao máximo absoluto da função de verossimilhança, na tentativa de evitar a convergência para máximos locais. Como critério de convergência foi considerada a variância do “Simplex” inferior a 10^{-9} .

A tendência genética do tamanho de leitegada foi calculada pela regressão linear da média dos valores genéticos dos animais nascidos de 1993 a 2006 (todos os animais da matriz de parentesco) para número de leitões nascidos, em função do ano de nascimento dos animais.

Resultados e Discussão

A descrição dos dados encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1 – Descrição da estrutura dos dados, médias e desvio-padrão para número de leitões nascidos, em porcas da raça Large White, nos modelos aditivo e de repetibilidade

Item	Valores	
	Modelo Aditivo	Modelo de Repetibilidade
Número de animais na A ⁻¹	58.628	58.628
Total de observações	3.196	3.355
2ª ordem de parto	---	1707
3ª ordem de parto	---	1061
4ª ordem de parto	---	587
Número de animais c/ observações	3.196	1.711
Número de grupos contemporâneos	517	506
Número de porcas	1.604	1.067
Número de varrões	370	322
Número de leitões nascidos		
Média	10,98	11,15
Desvio-padrão	3,23	3,47
Coeficiente de variação (%)	29,41	31,09

Na Tabela 2 são apresentados os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados, utilizando-se os modelos aditivo e de repetibilidade.

Tabela 2 – Estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos usando os modelos aditivo e de repetibilidade, para número de leitões nascidos

Parâmetros	Modelo Aditivo	Modelo de Repetibilidade
σ_d^2	1,57	2,35
σ_c^2	---	1,12
σ_e^2	8,73	8,41
σ_p^2	10,31	11,88
h^2	0,15 (0,034)*	0,20 (0,038)*
c^2	---	0,094 (0,037)*

σ_d^2 = variância genética aditiva; σ_c^2 = variância de efeito do ambiente permanente do animal; σ_e^2 = variância residual; σ_p^2 = variância fenotípica; h^2 = herdabilidade; c^2 = proporção atribuída ao efeito permanente do animal.

* Erro-padrão.

As estimativas da herdabilidade e das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas foram maiores no modelo de repetibilidade, comparadas com as do modelo aditivo. Entretanto, a estimativa da variância residual foi maior no modelo aditivo. A estimativa da variância devido ao efeito de ambiente permanente da porca foi maior que as encontradas por Ehlers et al. (2005), que observaram valores que variaram de 0,00 a 0,011 para número de leitões nascidos vivos, em suínos cruzados e puros.

As estimativas de herdabilidade para tamanho de leitegada em suínos têm variado em magnitude, dependendo da raça, do modelo e do volume de dados avaliados. Haley et al. (1988) concluíram que, em geral, a herdabilidade para tamanho de leitegada é de aproximadamente 0,09. Hanenberg et al. (2001) encontraram estimativa de herdabilidade de 0,093 para número de leitões nascidos na primeira parição (modelo aditivo) e 0,101 para modelo de repetibilidade, em suínos da raça Landrace, valores esses inferiores aos do presente trabalho. Já Ehlers et al. (2005), ao utilizarem modelo de repetibilidade, que incluía a primeira ordem de parto em suínos Large White, observaram estimativas de herdabilidade inferiores às obtidas pelo modelo de repetibilidade do presente trabalho (0,155). Resultados similares aos do presente trabalho foram obtidos por Kaufmann et al. (2000), que observaram estimativas de herdabilidade de 0,22 em animais Large White.

See et al. (1993) observaram estimativas de herdabilidade para número de leitões nascidos vivos em torno de 0,13 ao utilizarem três raças puras e um modelo que incluía somente a primeira ordem de parto. Ferraz & Johnson (1993) observavam valores de herdabilidade de 0,14 para número de leitões nascidos vivos, na raça Large White, em um modelo que incluía somente o efeito aditivo. Esses resultados são similares aos encontrados no presente trabalho. Entretanto, Roehe & Kennedy (1995) e Holm et al. (2005) encontraram estimativa de herdabilidade para número de leitões nascidos em torno de 0,10 quando utilizaram um modelo que incluía somente a primeira ordem de parto, na raça Landrace.

A estimativa da razão entre a variância do efeito não correlacionado de ambiente permanente do animal e a variância fenotípica, expressa como proporção da variância total (c^2) encontrada neste estudo esta dentro do intervalo (0,00 a 0,19) das estimativas observadas na literatura para número de leitões nascidos (Estany & Sorensen, 1994; Knap et al., 1993; Lamberson et al., 1991).

Os erros-padrões das estimativas dos parâmetros genéticos (Tabela 2) foram em torno de 0,03, implicando uma estimativa acurada dos parâmetros genéticos.

Segundo Euclides Filho et al. (1997), torna-se essencial proceder ao acompanhamento dos progressos genéticos acumulados ao longo do tempo em projetos de seleção, não só como forma de quantificar a mudança genética que vem se processando, mas, principalmente, para avaliar os benefícios e efetuar os ajustes, quando necessário. Assim, é necessário conhecer a tendência genética da população estudada. Na Figura 1 é apresentado o gráfico da tendência dos valores genéticos para tamanho de leitegada ao nascer.

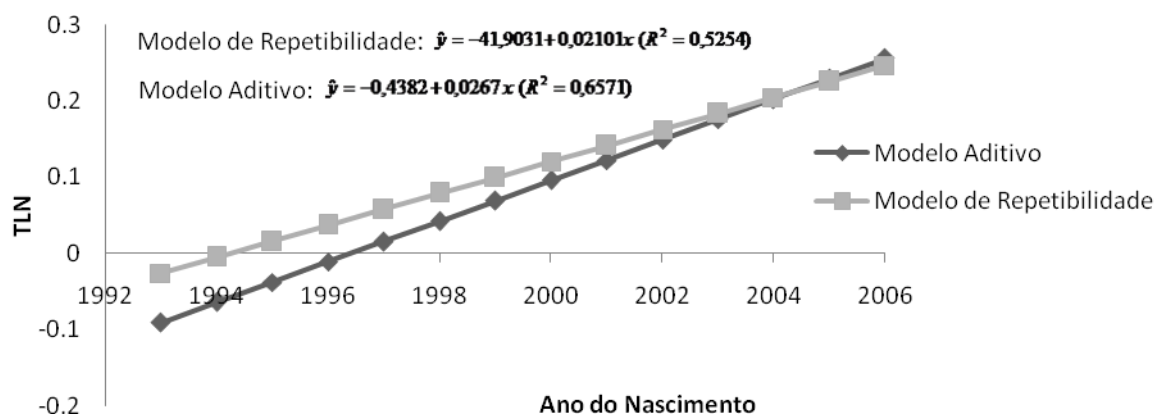


Figura 1 – Tendências genéticas dos efeitos genéticos para tamanho de leitegada ao nascimento (TLN), em nº de leitões, no período de 1993 a 2006.

As tendências genéticas obtidas nos modelos aditivo e de repetibilidade apresentaram comportamentos similares. Nesses modelos, as equações de regressão foram significativas a 5 e 1% de probabilidade, e os coeficientes de determinação (R^2) foram de 0,65 e 0,52 nos modelos aditivo e de repetibilidade, respectivamente.

As estimativas de tendências genéticas anuais para tamanho de leitegada ao nascimento foram positivas, o que está de acordo com o objetivo de um programa de melhoramento genético para essa característica. No entanto, o progresso genético ao longo dos anos foi muito pequeno (em torno de 0,02 leitão/fêmea/ano), sugerindo que a seleção para esta característica não foi efetiva ou pouca atenção foi dada a ela no período considerado. Pires et al. (2000) constataram tendências genéticas pouco expressivas nessa característica em suínos da raça Large White (0,0279 leitão/fêmea/ano), enquanto Southwood & Kennedy (1991) observaram tendências genéticas anuais ainda menores e negativas (-0,004) para tamanho de leitegada ao

nascimento em suínos Large White. Por outro lado, Bidanel et al. (1994) e Johnson (1992) relataram tendências bastante relevantes: 0,7 e 1,8 leitão por leitegada, respectivamente.

Irgang et al. (1997), ao avaliarem o número de leitões nascidos vivos nas duas primeiras leitegadas de suínos das raças Landrace e Large White, verificaram que as tendências genéticas foram positivas, porém pequenas. Os autores concluíram que pouca intensidade de seleção tinha sido aplicada na melhoria genética desta característica nessas raças no Brasil. Assim, os resultados do presente trabalho corroboram aqueles obtidos por Irgang et al. na década de 1990.

As baixas amplitudes do progresso genético das características reprodutivas podem ser explicadas, principalmente, por dois fatores. O primeiro é que, nos critérios de seleção, as características reprodutivas geralmente ficam em segundo plano; o outro aspecto é a baixa herdabilidade dessas características, o que dificulta o progresso genético. Ressalta-se, contudo, que, apesar das dificuldades de se trabalhar com características reprodutivas, em se tratando da raça Large White, que comumente é utilizada como linha fêmea nos esquemas de cruzamento, pelo menos o tamanho de leitegada ao nascer deveria ser utilizado com maior ênfase nos critérios de seleção.

Conclusões

Recomenda-se, na avaliação genética de suínos para tamanho de leitegada, a utilização do modelo aditivo para a primeira parição e do modelo de repetibilidade nas demais partições.

O tamanho de leitegada ao nascimento deve ser incluído como característica de seleção em suínos da raça Large White.

Referências

ALFONSO, L.; NOGUERA, J.L.; BABOT, D. et al. Selection for litter size using a multivariate animal model. In: World Congress Genetics Applied to Livestock Production, 5th, Guelph, Canada. 1994. **Anais ...** 17, 347-350.

- ALFONSO, L.; NOGUERA, J.L.; BABOT, D. et al. Estimates of genetic parameters for litter size at different parities in pigs. **Livestock Production Science**, v.47, p.149-156, 1997.
- BIDANEL, J.P.; GRUAND, J.; LEGAULT, C. An overview of twenty years of selection for litter size in pigs using "hyperprolific" schemes. In: World Congress Genetics Applied Livestock Production, 6th, Armidale, NSW, Australia, 1994. **Anais ...** 17, p.512-515.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE L.A.; Van VLECK, L.D. et al. **A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [Draft]**. Lincoln, U.S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service, 1995. 115p.
- CRUMP, R.E.; HALEY, C.S.; THOMPSON, R. et al. Individual animal model estimates of genetic parameters for reproduction traits of Landrace pigs performance tested in a commercial nucleus herd. **Animal Science**, v.65, p.285-290, 1997.
- DUC, N.V.; GRASER, H.U.; KINGHORN, B.P. Heritability and genetic and phenotypic correlations for number born alive between parities in Vietnamese Mong Cai and Large White. In: World Congress Genetics Applied Livestock Production, 6th, Armidale, Australia. 1998. **Anais** 23, p.543-546.
- DUCOS, A.; BIDANEI, J.P.; DUCROCQ, V. Bilan sur l'utilisation du BLUP pour l'évaluation génétique des reproducteurs porcins dans le monde. **Journées Recherche Porcine France**, v.24, p.39-46, 1992.
- EHLERS, M.J.; MABRY, J.W.; BERTRAND, J. K. et al. Variance components and heritabilities for sow productivity traits estimated from purebred versus crossbred sows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.318-324, 2005.
- ESTANY, J.; SORENSEN, D. Comparison of alternative models for litter size for selection for litter size in Danish Landrace and Yorkshire breeds. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 5th, Guelph, Canada. **Anais ...** 17, p.323-325, 1994.
- EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L.O.C.; ALVES, R.G.O. et al. Tendências genéticas na raça Indubrasil. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 34, Juiz de Fora - MG. 1997. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ., p. 171-172.
- FERRAZ, J.B.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. **Journal of Animal Science**, v.71, p.850-858, 1993.
- HALEY, C.S.; AVALOS, E.; SMITH, C. Selection for litter size in the pig. **Animal Breeding Abstracts**, v.56, p.317-332, 1988.

- HANENBERG, E.H.A.T.; KNOL, E.F.; MERKS, J.W.M. Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in Dutch Landrace pigs. **Livestock Production Science**, v.69, p.179-186, 2001.
- HERMESCH, S.; LUXFORD, B.G.; GRASER, H.U. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for australian pigs: 3. Genetic parameters for reproduction traits and genetic correlations with production, carcass and meat quality traits. **Livestock Production Science**, v.65, p.261-270, 2000.
- HOLM, B.; BAKKEN, M; VANGEN, O. et al. Genetic analysis of age at first service, return rate, litter size, and weaning-to-first service interval of gilts and sows. **Journal of Animal Science**, v.83, p.41-48, 2005.
- IRGANG, R.; FAVERO, J.A.; KENNEDY B.W. Genetic parameters for litter size of different parities in Duroc, Landrace, and Large White sows. **Journal of Animal Science**, v.72, p.2237-2246, 1994.
- IRGANG, R.; FÁVERO, J.A.; MEDEIROS, G. Tendências fenotípicas e genéticas do número de leitões nascidos vivos em porcas Landrace e Large White. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 34, Juiz de Fora - MG. 1997. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, p. 320-323.
- JOHNSON, R.K. Selection for fertility in swine. **Pig News and Information**, v.13, p. 59-61, 1992.
- KNAP, P.W., VAN ALST, G.J.M., VERSTEEG, J.G., et al. Realized genetic improvement of litter size in Dutch. Pig Herdbook breeding. **Pig News and Information**, v.14, p.119-121. 1993.
- KAUFMANN, D.; HOFER, A.; BIDANEL, J.P. et al. Genetic parameters for individual birth and weaning weight and for litter size of Large White pigs. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.117, p.121-128, 2000.
- LAMBERSON, W.R.; JOHNSON, R.K.; ZIMMERMAN, D.R. et al. Direct responses to selection for increased litter size, decreased age at puberty, or random selection following selection for ovulation rate in swine. **Journal of Animal Science**, v.69, p.3129-3143, 1991.
- LUKOVIĆ, Z.; MALOVRH, S.; GORJANC, G. et al. A random regression model in analysis of litter size in pigs. **South African Journal of Animal Science**, v.34, p.241-248, 2004.
- PIRES, A.V.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Tendências genéticas dos efeitos genéticos direto e materno em características reprodutivas de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.1689-1697, 2000.
- ROEHE, R.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic parameters for litter size in canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. **Journal of Animal Science**, v.73, p.2959-2970, 1995.

- ROTHSCHILD M.F.; BIDANEL J.P. **Biology and genetics of reproduction**. In: M.F. Rothschild, A. Ruvinsky (ed.), *The Genetics of the Pig*, CAB International, University Press, Cambridge, UK. 1998, p. 313-343.
- RYDHMER, L.; LUNDEHEIM, N.; JOHANSSON, K. Genetic parameters for reproduction traits in sows and relations to performance test measurements. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.112, p.33-42, 1995.
- SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Wiley & Sons, 1971. 532p.
- SEE, M.T.; MABRY, J.W.; BERTRAND, J.K. Restricted maximum likelihood estimation of variance components from field data for number of pigs born alive. **Journal of Animal Science**, v.71, p.2905-2909, 1993.
- SMITH, C.; DICKERSON, G.E.; TESS, M.W. et al. Expected relative responses to selection for alternative measures of life cycle economic efficiency of pork production. **Journal of Animal Science**, v.56, p.1306-1314, 1983.
- SORENSEN, D.; VERNERSEN, A.; ANDERSEN, S. Bayesian analysis of response to selection: A case study using litter size in danish Yorkshire pigs. **Genetics**, v.156, p.283-295, 2000.
- SOUTHWOOD, O.I.; KENNEDY, B.W. Estimation of direct and maternal genetic variance for litter size in canadian Yorkshire and Landrace swine using an animal model. **Journal of Animal Science**, v.68, p.1841-1847, 1990.
- SOUTHWOOD, O.I.; KENNEDY, B.W. Genetic and environmental trends for litter size in swine. **Journal of Animal Science**, v.69, p.3177-3182, 1991.
- TESS, M.W.; BENETT, G.L.; DICKERSON, G. Simulation of genetic changes in life cycle efficiency of pork production. II. Effects of components on efficiency. **Journal of Animal Science**, v.56, p.354-368. 1983
- THOLEN, E.; BUNTER, K.L.; HERMESCH, S. et al. The genetic foundation of fitness and reproduction traits in Australian pig populations. 1. Genetic parameters for weaning to conception interval, farrowing interval, and stayability. **Australian Journal Agriculture Research**, v.47, p.1261-1274, 1996.

CAPÍTULO IV

Estimação de Parâmetros Genéticos em Tamanho de Leitegada de Suínos Utilizando Análises de Características Múltiplas

RESUMO

Registros de animais da raça Large White foram utilizados para estimar componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para a característica número de leitões nascidos como medida do tamanho de leitegada. Na obtenção dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio do programa MTDFREML. O modelo misto continha o efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto e efeito residual. Dados das primeiras quatro partições foram usados em duas análises: análises unicaracterísticas e análise multicaracterística separada em séries de análises bicaracterísticas, com cada partição tratada como característica diferente. As estimativas de herdabilidades aditivas diretas para as diferentes partições variaram de 0,14 a 0,20 nas análises unicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade aditiva direta nas análises multicaracterísticas entre as partições foram consistentes com as estimativas obtidas nas análises unicaracterísticas. Estimativas de correlação fenotípica foram muito menores comparadas às correlações genéticas. As correlações genéticas foram menores que 0,75 em todas as partições, exceto entre a terceira e a quarta partição, que apresentou correlação alta (0,91). A menor correlação genética foi observada entre a primeira e a segunda ordem de parto (0,60).

Palavras-chave: características reprodutivas, herdabilidade, correlação genética, número de leitões nascidos, REML, partições

Estimation of Genetic Parameters for Litter Size in Pigs using Multitrait Analyses

ABSTRACT

Records of Large White pigs were used to estimate (co)variance components and genetic parameters for number of born piglets. The (co)variance components and genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood, with a derivative-free algorithm using the MTDFREML software. A mixed model with contemporary group was used as fixed effect, while additive direct genetic and residual as random effects. Data of the first four parities for litter size (LS) were used in single trait and multitrait analyses, using LS in each parity as a different trait. Heritabilities of LS in different parities in single trait analyses ranged from 0.14 to 0.20. Estimates of additive direct heritabilities in multitrait analyses were similar to the estimates of single trait analyses. Estimates of phenotypic correlations were lower than genetics correlations. The genetics correlations were lower than 0.75 for all parities, except between third and fourth parities, which showed higher genetic correlation (0.91). The smallest genetic correlation was observed between first and second parities (0.60).

Keywords: genetics correlation, heritability, number of born piglets, parity, reproductive traits, REML

Introdução

Nos programas comerciais de melhoramento de suínos, grande ênfase tem sido dada às características reprodutivas nas linhas fêmeas (Hanenberg et al., 2001). Vários trabalhos têm demonstrado a efetividade na seleção para tamanho de leitegada (Knap et al., 1993; Lamberson et al., 1991; Sorensen & Vernersen, 1991).

A seleção para prolificidade em porcas está concentrada no número de leitões ao nascimento (Southwood & Kennedy, 1991; De Vries & Kanis, 1994; Estany & Sorensen, 1995).

O tamanho de leitegada é o principal componente da produtividade da porca, e o foco do melhoramento genético está em aumentar sua importância em mercados nos quais outras características, como ganho de peso e espessura de toucinho, já

alcançaram níveis otimizados (Sorensen, 1991) ou no fato de que o aumento da prolificidade da porca reduz, substancialmente, os custos de produção.

No entanto, acuradas estimativas de parâmetros genéticos para tamanho de leitegada são essenciais para estimação dos valores genéticos e otimização da predição da resposta genética à seleção.

Segundo Holm et al. (2005), o tamanho de leitegada em sucessivas partições deveria ser considerado como diferentes características, visto que as variâncias entre os tamanhos de leitegada nas diferentes partições não são iguais, assim como as correlações genéticas entre elas são diferentes de 1.

Heterogeneidade de herdabilidade para número de leitões nascidos vivos em diferentes partições e correlações menores que 0,9 entre partições sugerem o uso de modelos multicaracterísticos em vez de modelo de repetibilidade para avaliação genética de candidatos à seleção (Noguera et al., 2002).

Vários autores sugerem que em, parte, diferentes genes controlam as características reprodutivas nas sucessivas partições (Roehle & Kennedy, 1995; Hermesch et al., 2000; Noguera et al., 2002), indicando que diferentes partições devem ser tratadas como características diferentes. Em Large White, como em outras raças, o tamanho de leitegada tem sido a principal característica reprodutiva de porcas incluída no objetivo de melhoramento e analisada por um modelo de repetibilidade.

O modelo de repetibilidade assume que tamanhos de leitegada de diferentes partições sejam medidas repetidas da mesma característica, mas alguns autores têm sugerido que o efeito genético para tamanho de leitegada pode ser diferente em cada partição (Vangen, 1986; Haley et al., 1988). Assim, se esta última situação for verdadeira, uma análise multicaracterística deveria ser executada, a fim de se aumentar a eficiência de seleção para tamanho de leitegada e para obter predições não-viesadas da resposta genética esperada (Tartar & Bolet, 1984; Gomez, 1994).

Objetivou-se, neste estudo, estimar os parâmetros genéticos para tamanho de leitegada em diferentes partições, em análises de características múltiplas.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são de suínos da raça Large White, provenientes de uma granja localizada no oeste do Estado de Santa Catarina.

Os animais nasceram no período de 1996 a 2006. Ao nascimento, os leitões foram submetidos ao seguinte manejo: corte dos dentes, mossagem, pesagem e aplicação de ferro dextrano. Foi também realizada a padronização de leitegada, em que os leitões foram redistribuídos num processo de equalização de leitegada por número e classe de peso (três classes); até a desmama (\pm 21 dias), houve outra equalização entre as leitegadas das porcas que pariram na mesma semana.

Foi avaliada a característica número total de leitões nascidos (vivos + mortos) como medida do tamanho de leitegada. Foram utilizadas somente as observações das quatro primeiras partições, em razão do pequeno número de observações nas partições subsequentes, por se tratar de granja núcleo.

Como efeito fixo, foram utilizados os grupos contemporâneos, formados pela combinação do ano com a estação do ano de partição (1 – 1ª à 13ª semana; 2 – 14ª à 27ª semana; 3 – 28ª à 41ª; 4 – 42ª à 53ª semana).

Na obtenção dos componentes de (co)variância foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio do programa MTDFREML (Boldman et al., 1995).

Para examinar as diferenças genéticas entre as partições, foram realizadas análises unicaracterísticas com efeito genético aditivo em modelos com cada partição e análises multicaracterísticas separadas em seis combinações de análises bicaracterísticas, em que o número de leitões em cada ordem de parto foi tratado como característica diferente.

O modelo animal (unicaracterístico) usado na análise foi:

$$y = Xb + Zd + e$$

em que:

y = vetor de observações;

b = vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

X = matriz de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

d = vetor de efeitos genéticos aditivos;

Z = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos; e

e = vetor de efeito residual.

As análises de características múltiplas foram separadas em seis análises bicaracterísticas, utilizando o seguinte modelo:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} d_1 \\ d_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que y_1 e y_2 representam o número de leitões nascidos em diferentes partições (considerado como características diferentes). O vetor de efeito fixo para a característica 1 (b_1) e característica 2 (b_2) é o mesmo descrito no modelo unicaracterístico. Os vetores d_1 e d_2 são os efeitos genéticos aditivos, e e_1 e e_2 , os efeitos residuais para as características 1 e 2, respectivamente. As matrizes de incidências X_1 e X_2 (Z_1 e Z_2) associam elementos de b_1 e b_2 (d_1 e d_2) com as observações em y_1 e y_2 .

No modelo bicaracterístico, a esperança de y_1 e y_2 e a estrutura das (co)variâncias dos efeitos aleatórios são dadas por:

$$E \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 b \\ X_2 b \end{bmatrix}$$

$$V \begin{bmatrix} d_1 \\ d_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{d1}^2 & A\sigma_{d12} & 0 & 0 \\ A\sigma_{d21} & A\sigma_{d2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & I\sigma_{e12} \\ 0 & 0 & I\sigma_{e21} & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

em que σ_{d1}^2 e σ_{d2}^2 são as variâncias genéticas aditivas diretas; e σ_{e1}^2 e σ_{e2}^2 , as variâncias residuais para as características 1 e 2, respectivamente; σ_{d12} , a covariância genética aditiva entre as características 1 e 2; e σ_{e12} , a covariância residual entre as características 1 e 2.

Cada análise foi reiniciada com diferentes valores iniciais, a fim de garantir que os valores dos componentes estimados correspondessem ao máximo absoluto da

função de verossimilhança, na tentativa de evitar a convergência para máximos locais. Como critério de convergência, foi considerada a variância do “Simplex” inferior a 10^{-9} .

Resultados e Discussão

A descrição dos dados encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1 – Descrição da estrutura dos dados, médias e desvio-padrão para número de leitões nascidos em porcas da raça Large White, nas diferentes ordens de parto

Item	Valores			
	1º parto	2º parto	3º parto	4º parto
Número de animais na A^{-1}	58.628	58.628	58.628	58.628
Total de observações	3.211	3.211	3.211	3.211
Número de animais com observações	3.208	1.711	1.062	589
Número de grupos contemporâneos	41	40	38	37
Número de porcas	1.607	1.607	1.607	1.607
Número de varrões	370	370	370	370
Número de leitões nascidos				
<i>Média</i>	10,99	10,68	11,55	11,81
<i>Desvio-padrão</i>	3,23	3,47	3,41	3,35
<i>Coefficiente de variação (%)</i>	29,40	32,51	29,55	28,39

Haley et al. (1988) observaram, numa revisão de literatura, que, embora a herdabilidade para tamanho de leitegada seja de baixa magnitude, a magnitude do coeficiente de variação é maior em relação às características de crescimento e carcaça.

Na Tabela 2 são apresentadas as estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos quando se utilizaram análises unicaracterísticas.

Tabela 2 – Estimativas de componentes de variância e herdabilidade usando modelo unicaracterístico para as diferentes ordens de parto, para a característica número de leitões nascidos, em suínos da raça Large White

Parâmetros	1º parto	2º parto	3º parto	4º parto
σ_d^2	1,47	2,33	2,39	1,98
σ_e^2	8,87	9,79	9,27	9,36
σ_p^2	10,33	12,13	11,65	11,35
h^2	0,14 (0,029)*	0,19 (0,046)*	0,20 (0,061)*	0,18 (0,094)*

σ_d^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; σ_p^2 = variância fenotípica; h^2 = herdabilidade.

* Erro-padrão.

A estimativa de herdabilidade foi menor no modelo para a primeira ordem de parto, comparada com a dos modelos das demais ordens de parto. A mesma tendência foi observada para a estimativa de variância genética aditiva e variância fenotípica e residual.

Neste estudo, a herdabilidade, em geral, aumentou à medida que aumentou a ordem de parto, sugerindo que diferentes bases genéticas estejam atuando no tamanho de leitegada ao longo da vida reprodutiva da porca. Irgang et al. (1994) e Roehe & Kennedy (1995) também obtiveram maiores herdabilidades nas últimas partições do que nas primeiras, quando utilizaram análises unicaracterística ou bicaracterística.

Esses resultados estão de acordo com Le Roy et al. (1987) e Bolet et al. (1989), os quais observaram tendência geral para aumentar a eficiência da seleção, devido à herdabilidade, em partições mais tardias na vida do animal. Tartar (1981) demonstrou teoricamente que seleção na média das cinco primeiras partições resulta em grande resposta nas últimas partições.

Noguera et al. (2002) observaram estimativas de herdabilidade para número de leitões nascidos vivos em torno de 0,10, o que está de acordo com revisão de literatura (Haley et al., 1988; Lamberson, 1990; Rothschild & Bidanel, 1998). Entretanto, Roehe (1999) obteve valor de herdabilidade para número de leitões nascidos vivos de 0,075. Muitos desses estudos postularam homogêneas herdabilidades para todas as partições. Contudo, heterogeneidade de herdabilidade entre as partições foi observada neste estudo e nos estudos postulados por Noguera et al. (2002).

Avalos & Smith (1987) demonstraram que, com herdabilidade de 0,10 e uso de toda informação de família na seleção, um melhoramento no tamanho de leitegada de 0,5 leitão por geração pode ser alcançado. Roehle & Kennedy (1993) mostraram, por meio de simulação estocástica, que, com mais de 10 anos de seleção, uma resposta de 0,22 leitão por ano pode ser atingida usando um modelo animal e selecionando somente para tamanho de leitegada.

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas de variâncias genéticas aditivas e as covariâncias genéticas aditivas e fenotípicas para a característica número de leitões nascidos.

Tabela 3 – Estimativas da variância genética aditiva^a (na diagonal) e (co)variâncias genéticas aditivas (abaixo da diagonal) e fenotípicas (acima da diagonal) entre as ordens de parto para número de leitões nascidos, em suínos da raça Large White, usando modelo multicaracterístico

	<i>1º parto</i>	<i>2º parto</i>	<i>3º parto</i>	<i>4º parto</i>
<i>1º parto</i>	1,46 ^b	2,27	1,55	1,62
<i>2º parto</i>	1,10	2,41	3,46	1,45
<i>3º parto</i>	1,21	1,67	2,33	2,93
<i>4º parto</i>	1,11	1,88	1,84	2,08

^a Estimativas obtidas das análises bicaracterísticas entre as partições.

^b Estimativas de cada ordem de parto são médias de três análises bicaracterísticas.

A menor estimativa da variância genética aditiva foi observada no primeiro parto e a maior, no segundo parto. Contudo, houve redução da variância genética aditiva do segundo até o quarto parto.

Para otimizar programas de melhoramento e predizer a resposta genética à seleção quando se consideram diferentes partições como diferentes características, a correlação genética entre as partições é importante para alcançar esse objetivo.

Na Tabela 4 são apresentadas as herdabilidades médias e as correlações genéticas e fenotípicas entre as ordens de parto na análise multicaracterística.

Tabela 4 – Estimativas de herdabilidade^a (na diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal) e fenotípicas (acima da diagonal) entre as ordens de parto para número de leitões nascidos, em suínos da raça Large White, usando modelo multicaracterístico

	<i>1º parto</i>	<i>2º parto</i>	<i>3º parto</i>	<i>4º parto</i>
<i>1º parto</i>	0,14 ^b	0,13	0,04	0,06
<i>2º parto</i>	0,60	0,20	0,19	0,15
<i>3º parto</i>	0,69	0,69	0,20	0,11
<i>4º parto</i>	0,64	0,75	0,91	0,18

^a Estimativas obtidas das análises bicaracterísticas entre as partições.

^b Estimativas de cada ordem de parto são médias de três análises bicaracterísticas.

Estimativas de herdabilidade da análise multicaracterística entre as partições foram similares às estimativas obtidas das análises unicaracterísticas (Tabela 4).

Estimativas de correlação fenotípica foram muito menores comparadas às correlações genéticas. As correlações genéticas foram menores que 0,75 para todas as partições, exceto entre a terceira e a quarta partição, em que houve correlação alta (0,91). A menor correlação genética foi observada entre a primeira e a segunda partição (0,60). Esses resultados corroboram os encontrados por Roehe & Kennedy (1995), que também observaram menor correlação genética (0,59) entre a primeira e a segunda partição, para número de leitões nascidos totais, em suínos da raça Yorkshire. Por outro lado, a maior correlação (0,91) foi observada entre as duas últimas partições (terceira e quarta). A mesma tendência de obter correlações maiores nas partições posteriores foi encontrada por Hanenberg et al. (2001), os quais observaram aumento de 0,79 entre a primeira e a segunda partição para 0,96 entre a quinta e a sexta partição.

Lukovic et al. (2004) constataram correlações genéticas altas entre partições adjacentes (0,80 a 0,99), que diminuía à medida que as diferenças entre os pares de partições aumentavam. Ainda, segundo esses mesmos autores, correlações genéticas entre pares de partições adjacentes aumentam à medida que aumenta o número de partições.

A magnitude da correlação entre partições é importante para definir um ótimo processo de avaliação, a fim de que os programas de seleção possam melhorar o tamanho de leitegada em suínos. Irgang et al. (1994) observaram correlações genéticas baixas (0,32 a 0,48) entre a primeira e a segunda partição em três raças de suínos. Entretanto, as correlações genéticas entre a primeira e a terceira e entre a segunda e a terceira partição foram geralmente altas (0,77 a 1,00).

Segundo Hanenberg et al (2001), a correlação genética para tamanho de leitegada entre partições excede 0,70, exceto, em alguns casos, entre a primeira e as posteriores partições (Alfonso et al., 1997; Irgang al.,1994; Knap et al., 1993; Roehe & Kennedy, 1995; Tholen et al., 1996).

Hanenberg et al. (2001) observaram que a correlação genética entre as medidas das partições na terceira, quarta, quinta e sexta ordens foram raramente diferentes da unidade em todas as características reprodutivas avaliadas. Somente as

medidas entre a primeira e as sucessivas partições apresentaram correlações genéticas que se distanciaram consideravelmente da unidade para a maioria das características avaliadas. Isso significa que para essas características a primeira ordem de parto é geneticamente diferente, comparada com partições posteriores. No entanto, segundo esses mesmos autores, algumas das características reprodutivas avaliadas também demonstraram baixa correlação genética entre a segunda partição e as demais.

As médias e as variâncias do tamanho de leitegada geralmente diferem ao longo da vida produtiva da porca (número de partições). Assim, é possível que diferentes genes ou diferentes combinações de genes estejam envolvidos em cada partição, devido à maturação hormonal ou fisiológica das porcas (Noguera et al., 2002). Entretanto, uma alta correlação genética entre partições é esperada se muitos genes envolvidos na expressão do tamanho de leitegada, nas diferentes partições, forem os mesmos.

As correlações genéticas entre as partições para número de leitões nascidos vivos diferiram consideravelmente da unidade neste estudo, evidenciando que componentes genéticos desta característica são diferentes para cada ordem de parto.

As correlações encontradas neste estudo demonstram que pouco êxito teria em se fazer seleção utilizando resposta correlacionada. Desse modo, as estimativas de correlação genética, entre as partições, indicam, por exemplo, que intensiva seleção na primeira ordem de parto não resultará em alta resposta correlacionada nas partições posteriores. Assim, a seleção com base somente na primeira ordem de parto poderá fornecer estimativas de ganhos genéticos viesados, num programa de melhoramento.

Correlações genéticas iguais a 1, ou aproximadamente 1, indicam que ganhos genéticos na primeira partição da porca garantem ganhos genéticos nas partições posteriores, com o benefício de reduzir o intervalo de geração e aumentar a intensidade de seleção, ou que o modelo de repetibilidade poderia ser utilizado para avaliar tamanho de leitegada. Contudo, baixas correlações genéticas indicam que leitegadas de diferentes partos devem ser tratadas como características diferentes (Ollivier, 1982) e que outras formas de avaliação genética, como os modelos multicaracterísticos, deveriam ser usadas para prever os valores genéticos. Nesse caso, diferentes razões da variância entre efeito aditivo e residual devem também ser consideradas para cada partição, em vez de uma única razão para todas as partições. Então, modelos multicaracterísticos são preferíveis em tal situação. Entretanto,

muitos programas de melhoramento usam modelo de repetibilidade, sobretudo devido à sua simplicidade. Embora uma análise unicaracterística possa ser suficiente na avaliação genética de tamanho de leitegada, Alfonso et al. (1994) relataram que o modelo multicaracterístico deveria ser usado para evitar superestimação da resposta esperada à seleção.

O modelo multicaracterístico deve ser o objetivo final, se houver significativa divergência em estipular qual modelo utilizar quando os modelos de repetibilidade e multicaracterístico são equivalentes, conforme sumarizado por Henderson (1988). Primeiramente, a correlação genética entre partições deve ser igual a 1 no modelo de repetibilidade, porém as estimativas das correlações, dependendo da raça e da combinação de partições, são, às vezes, substancialmente menores que 1. Segundo, a variância genética deve ser igual no modelo de repetibilidade. Este estudo sugere que as variâncias genéticas entre as partições sejam diferentes e que a herdabilidade aumenta da primeira para a segunda e terceira partições. Terceiro, a variância e (co)variância residuais devem ser iguais para assumir modelo de repetibilidade, mas, neste estudo, a variância residual foi substancialmente menor na primeira ordem de parto. Finalmente, as variâncias fenotípicas e as correlações entre as partições não foram iguais.

Conclusões

As correlações observadas entre as partições indicam que o número de leitões nascidos nas diferentes partições deve ser tratado como características diferentes. Assim, recomenda-se utilizar tamanho de leitegada em diferentes partições, como diferentes características em análise multicaracterística, na avaliação genética dessa população de suínos.

Referências

ALFONSO, L.; NOGUERA, J.L.; BABOT, D. et al. Selection for litter size using a multivariate animal model. In: World Congress Genetics Applied to Livestock Production, 5th, Guelph, Canada. 1994. **Anais ...** Guelph. 17, 347-350.

- ALFONSO, L.; NOGUERA, J.L.; BABOT, D. et al. Estimates of genetic parameters for litter size at different parities in pigs. **Livestock Production Science**, v.47, p.149-156, 1997.
- AVALOS, E.; SMITH, C. Genetic improvement of litter size in pigs. **Animal Production**, v.44, p.153, 1987.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE L.A.; Van VLECK, L.D. et al. **A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [Draft]**. Lincoln, U.S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service, 1995. 115p.
- BOLET, G.; OLLIVIER, L.; DANDO, P. Selection sur la prolificité chez le porc. I. Resultats d'une experience de selection sur onze generations. **Genetics Selection Evolution**, v.2, p.93, 1989.
- De VRIES, A.G.; KANIS, E. Swine breeding goals, shortand long-term considerations. In: World Congress Genetic Applied Livestock Production, 5th, Guelph, Canada. 1994. **Anais ... Guelph**. 17, p.390-397.
- ESTANY, J.; SORENSEN, D. Estimation of genetic parameters for litter size in Danish Landrace and Yorkshire pigs. **Animal Science**, v.60, p.315-324, 1995.
- GÓMEZ, E., **La Selección del Tamaño de Camada en el Conejo de Carne: Influencia de los Efectos Maternos y de la Heterogeneidad Genética entre Partos**. Doctoral Thesis. U.P., Valencia. 1994.
- HALEY, C.S.; AVALOS, E.; SMITH, C. Selection for litter size in the pig. **Animal Breeding Abstrac**, v.56, p.317-332, 1988.
- HANENBERG, E.H.A.T.; KNOL, E.F.; MERKS, J.W.M. Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in dutch Landrace pigs. **Livestock Production Science**, v.69, p.179-186, 2001.
- HENDERSON, C. R. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. **Journal of Dairy Science**, v.71, p.1 (Suppl. 2), 1988.
- HERMESCH, S.; LUXFORD, B.G.; GRASER. H.U. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for australian pigs: 3. Genetic parameters for reproduction traits and genetic correlations with production, carcass and meat quality traits. **Livestock Production Science**, v.65, p.261-270, 2000.
- HOLM, B.; BAKKEN, M; VANGEN, O. et al. Genetic analysis of age at first service, return rate, litter size, and weaning-to-first service interval of gilts and sows. **Journal of Animal Science**, v.83, p.41-48, 2005.
- IRGANG, R.; FAVERO, J.A.; KENNEDY B.W. Genetic parameters for litter size of different parities in Duroc, Landrace, and Large White sows. **Journal of Animal Science**, v.72, p.2237-2246, 1994.

- KNAP, P.W.; VAN ALST, G.J.M.; VERSTEEG, J.G., et al. Realized genetic improvement of litter size in Dutch. Pig Herdbook breeding. **Pig News and Information**, v.14, p.119-121. 1993.
- LAMBERSON W.R. **Genetic parameters for reproductive traits. In: L.D. Young (ed.) Genetics of Swine.** US Department of Agriculture, Clay Center, NE. 1990, p. 70-76.
- LAMBERSON, W.R.; JOHNSON, R.K.; ZIMMERMAN, D.R. et al. Direct responses to selection for increased litter size, decreased age at puberty, or random selection following selection for ovulation rate in swine. **Journal of Animal Science**, v.69, p.3129-3143, 1991.
- Le ROY, P.; LEGAULT, C.; GRUAND, J. et al. Héritabilité réalisée pour la taille de portée dans la sélection de truies dites "hyperprolififiques". **Genetics Selection Evolution**, v.19, p.351-364, 1987.
- LUKOVIĆ, Z.; MALOVRH, S; GORJANC, G. et al. A random regression model in analysis of litter size in pigs. **South African Journal of Animal Science**, v.34 (4), p.241-248, 2004.
- NOGUERA, J. L. VARONA, L. BABOT, D. et al. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2540-2547, 2002.
- OLLIVIER, L. Selection for prolificacy in the pig. **Pig News and Information**, v.3, p.383, 1982.
- ROEHE, R. Genetic determination of individual birth weight and its association with sow productivity traits using Bayesian analyses. **Journal of Animal Science**, v.77, p.330-343, 1999.
- ROEHE, R.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic parameters for litter size in canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. **Journal of Animal Science**, v.73, p.2959-2970, 1995.
- ROEHE, R.; KENNEDY, B.W. The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. **Journal of Animal Science**, v.71, p.2353-2364, 1993.
- ROTHSCHILD M.F.; BIDANEL J.P. **Biology and genetics of reproduction.** In: M.F. Rothschild, A. Ruvinsky (ed.), *The Genetics of the Pig*, CAB International, University Press, Cambridge, UK. 1998, p. 313–343.
- SORENSEN, D. 1991. Predicted breeding values for litter size with an animal model used in the danish pig breeding program. **Report from the National Institute Animal Science**, Denmark. p.27.

- SORENSEN, D.A.; VERNERSEN, A.H., Large scale selection for number of born piglets using an animal model. In: Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 42nd, Berlin, Alemanha. 1991. **Anais ...** Berlin.
- SOUTHWOOD, O.I.; KENNEDY, B.W. Genetic and environmental trends for litter size in swine. **Journal of Animal Science**, v.69, p.3177-3182, 1991.
- TARTAR, M. **Analyse critique des possibilités d'estimation du potentiel génétique des truies reproductrices**. D. E. A. de Génétique quantitative et appliquée, Université Paris-Sud, Paris. 1981.
- TARTAR, M.; BOLET, G., Application de la théorie des indices de sélection à des caractères répétés. Exemple de la sélection sur la prolificité chez le porc. **Genetics Selection Evolution**, v.16, p.319-334, 1984.
- THOLEN, E.; BUNTER, K.L.; HERMESCH, S. et al. The genetic foundation of fitness and reproduction traits in australian pig populations. 1. Genetic parameters for weaning to conception interval, farrowing interval, and stayability. **Australian Journal of Agriculture Resource**, v.47, p.1261-1274, 1996.
- VANGEN, O., Genetic control of reproduction in pigs: From parturition to puberty. In: World Congress on Genetics Applied Livestock Production, 3th, Nebraska, EUA. 1986. **Anais ...** Nebraska. 168-179.

4 - CONCLUSÕES GERAIS

A inclusão de efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada no modelo de avaliação genética, para as características de desempenho avaliadas em suínos da raça Large White, possibilita a obtenção de estimativas mais acuradas dos componentes de (co)variância e uma correta classificação dos animais para fins de seleção.

As herdabilidades obtidas para as características de desempenho avaliadas indicam que ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos para elas no melhoramento de suínos da raça Large White.

As estimativas dos parâmetros genéticos obtidas via Amostrador de Gibbs permitiram uma grande robustez em modelos complexos (nos quais incluem efeitos genético materno e comum de leitegada, em adição ao efeito genético aditivo direto) e possibilitaram estimativas acuradas dos parâmetros genéticos, além de permitirem a construção de intervalos de alta densidade.

Recomenda-se, na avaliação genética de suínos para tamanho de leitegada, a utilização de modelo aditivo para a primeira parição e o modelo de repetibilidade nas demais partições.

O tamanho de leitegada ao nascimento deve ser incluído como critério de seleção em suínos da raça Large White.

As correlações observadas entre as partições indicam que o número de leitões nascidos nas diferentes partições deve ser tratado como características diferentes. Assim, recomenda-se utilizar tamanho de leitegada em diferentes partições, como diferentes características em análise multicaracterística, na avaliação genética dessa população.