

**EDSON VINÍCIUS COSTA**

**MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS E EFEITO DE DOMINÂNCIA NA  
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE SUÍNOS**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2014

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e  
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

C837m  
2014 Costa, Edson Vinícius, 1988-  
Modelos multicaracterísticos e efeito de dominância na  
avaliação genética de suínos. / Edson Vinícius Costa. – Viçosa,  
MG, 2014.  
xi, 51f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Inclui bibliografia.

1. Suíno - Reprodução. 2. Landrace. 3. Leitegada.  
4. Genômica - Análise. I. Universidade Federal de Viçosa.  
Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-graduação em  
Genética e Melhoramento. II. Título.

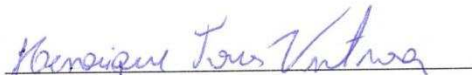
CDD 22. ed. 636.4

EDSON VINÍCIUS COSTA


**Modelos multicaracterísticos e efeito de dominância na  
avaliação genética de suínos**

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

APROVADA: 26 de fevereiro de 2014.

  
Henrique Torres Ventura

  
Marcos Deon Vilela de Resende

  
Paulo Sávio Lopes  
(Orientador)

“A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu,  
mas pensar o que ninguém ainda  
pensou sobre aquilo que todo mundo vê.”

Arthur Schopenhauer

Ao meu pai José Geraldo e à minha mãe Marli  
À minha noiva Francine

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo, pois sem ele nada é possível.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pelos ensinamentos, pela orientação, pela amizade, pela confiança e pelo apoio.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva, pela amizade, pelo aconselhamento, pelo incentivo e pelas críticas e sugestões.

À professora Simone Eliza Facioni Guimarães, pela amizade, pela atenção, pelas sugestões e pelo exemplo de profissionalismo.

Ao professor Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pelos ensinamentos e pelo aconselhamento.

Aos professores Robledo de Almeida Torres, Ricardo Frederico Euclides, José Domingos Guimarães, Leonardo Bhering e Cosme Damião Cruz, pela amizade, pelos ensinamentos e pelo aconselhamento.

Ao amigo Henrique Torres Ventura, por toda ajuda e pela participação fundamental no desenvolvimento desse trabalho.

Aos meus pais e minhas irmãs por mais essa conquista.

À Francine, pelo carinho, apoio e compreensão em todos os momentos da minha vida.

A toda minha família, pela torcida e apoio.

Aos amigos de graduação, pela amizade e incentivo.

Aos amigos da pós-graduação, Alessandra, Ali Canaza, Aline Crispim, Ana Lúcia Puerro, André Hidalgo, André Mauric, Bruno Bastos, Carla Leite, Carolina Filardi, Daniele Botelho, Darlene, Delvan, Elcer, Giovani Caetano, Helmut (Mumu), Jeferson Correa, Joashlenny, Karina, Lais Brito, Lucas Verardo, Luciano Pinheiro, Luiz Fernando Brito, Matilde Pessoa, Mariele Freitas, Nadson (Miséria), Rafael (Bundinha), Renata Veroneze, Rodrigo Mota (Batatinha), Rodrigo Pacheco, Rogério Veloso, Sirlene, Vanessa Faria e Vinicius Silva, pela amizade e pelo constante incentivo.

Aos amigos da Granja de Melhoramento de Suínos, Adriane Rafaela, Hugo Teixeira, Hugo Shiomi, Alberto Chaya, Luiz Henrique, Mauricio Hoshino,

Rogério Pinho, Ednaldo (Russo), Ednaldo (Quepinho), Aloizio, Aldair, Leandro, Evandro, pela força e amizade durante todo o tempo.

Aos amigos do Labtec, por toda ajuda.

Aos amigos do GenMelhor, Leonardo Azevedo, Janeo Eustáquio, Sara, Humberto (Gordo), Ricardo Galvão, Bruno Brasileiro, Leandro Borges, Katia Pestana, Aninha Oliveira, Gislayne, Barbara Muller, pelo agradável convívio e por me ensinar a trabalhar e equipe.

Aos amigos Gilberto Romeiro, Cristina Bonafé, Mariele Freitas, Luciano Pinheiro e Rodrigo Mota (Batatinha), Luiz Fernando e Renata Veroneze , pela ajuda e pelo incentivo, pela paciência e toda contribuição desde a graduação.

Aos amigos de toda vida, Diógenes, Eduardo (Du), Elder e Evandro.

Ao Professor Felipe Gomes da Silva, pela disponibilização do programa Renped para renumeração do pedigree durante este trabalho.

Aos demais professores, funcionários e alunos do Departamento de Zootecnia, pelo companheirismo e pela amizade.

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

## **BIOGRAFIA**

EDSON VINÍCIUS COSTA, filho de José Geraldo Costa e Marli Assis Costa, natural de Viçosa, Estado de Minas Gerais, nasceu em 25 de janeiro de 1988.

Em março de 2007, iniciou o curso de Agronomia, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica, por alguns anos, no Departamento de Zootecnia, orientado pelo Prof. Paulo Sávio Lopes.

Em janeiro de 2012, graduou-se em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa.

Em março de 2012, iniciou o Mestrado no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa.

Em fevereiro de 2014, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa.



## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	viii
<b>ABSTRACT</b> .....	x
<b>INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	1
<b>REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	3

### CAPÍTULO I

Estimação de parâmetros genéticos de características de leitegada em suínos da raça Landrace utilizando modelos multicaracterísticos e de repetibilidade

<b>RESUMO</b> .....	5
<b>ABSTRACT</b> .....	6
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	7
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	8
<b>RESULTADOS</b> .....	10
<b>DISCUSSÃO</b> .....	19
<b>CONCLUSÃO</b> .....	21
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	22

### CAPÍTULO II

Avaliação genética dentro de partos de características de leitegada em suínos da raça Landrace utilizando análises de bicaracterísticas

<b>RESUMO</b> .....	24
<b>ABSTRACT</b> .....	25
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	26
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	26
<b>RESULTADOS</b> .....	29
<b>DISCUSSÃO</b> .....	32
<b>CONCLUSÃO</b> .....	35
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	35

### CAPÍTULO III

Estimação da variância genética aditiva e de dominância para características complexas em suínos usando dados genômicos e de pedigree

<b>RESUMO</b> .....	37
<b>ABSTRACT</b> .....	38
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	39
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	40
<b>RESULTADOS</b> .....	43
<b>DISCUSSÃO</b> .....	47
<b>CONCLUSÕES</b> .....	49
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	49

## RESUMO

COSTA, Edson Vinicius, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2014. **Modelos multicaracterísticos e efeito de dominância na avaliação genética de suínos.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva e Simone Eliza Facioni Guimarães.

O objetivo deste estudo foi avaliar geneticamente características de leitegada em suínos da raça Landrace e estimar via análise genômica o efeito de dominância com e sem a inclusão do efeito poligênico em suínos F2. Foram avaliadas as seguintes características em animais da raça Landrace, utilizando modelos bicaracterístico, multicaracterístico e de repetibilidade: número de leitões nascidos no primeiro (NLN1), segundo (NLN2) e terceiro (NLN3) partos; número de leitões desmamados no primeiro (NLD1), segundo (NLD2) e terceiro (NLD3) partos; peso da leitegada ao nascimento no primeiro (PLN1), segundo (PLN2) e terceiro (PLN3) partos; peso da leitegada ao desmame no primeiro (PLD1), segundo (PLD2) e terceiro (PLD3) partos; peso médio dos leitões ao nascimento no primeiro (PMLN1), segundo (PMLN2) e terceiro (PMLN3) partos; peso médio dos leitões ao desmame no primeiro (PMLD1), segundo (PMLD2) e terceiro (PMLD3) partos. As análises entre partos com os modelos multicaracterístico e de repetibilidade, via REML, mostraram que a variância genética aditiva e a herdabilidade para a primeira ordem de parto foram menores que as estimadas nas demais ordens de parto, o que indica que, provavelmente, a expressão dessas características estudadas no primeiro parto é controlada por genes ou combinações gênicas diferentes daquelas que regulam a expressão das mesmas no segundo e no terceiro parto. As correlações genéticas entre as três ordens de parto no modelo multicaracterístico para as características peso médio do leitão ao nascimento (PMLN) e peso médio do leitão ao desmame (PMLD) foram altas variando de 0,9809 a 0,9970 para PMLN e de 0,9610 a 0,9800 para PMLD, mas diferente da unidade, as demais características apresentaram correlações de menor magnitude. Esses resultados são insuficientes para considerar estas características nas três ordens de parto como sendo, geneticamente, a mesma característica. Conclui-se que o modelo multicaracterístico é recomendado para avaliações genéticas das características número de leitões nascidos e desmamados, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e a desmama nas diferentes partições, tratando diferentes partições como

características diferentes. As características foram analisadas também dentro de cada parto com o modelo animal bicaracterístico. Nestas análises observou-se que as correlações genéticas entre as características de nascimento e de desmama foram positivas e altas no primeiro, segundo e terceiro parto para a maioria das características, o que indica que a seleção para aumento número de leitões nascidos, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento resultará em ganho genético das mesmas características a desmama, porém as três características devem ser incluídas nas análises devido às correlações genéticas negativas entre número de leitões nascidos e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame, número de leitões desmamados e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame e entre peso da leitegada ao nascimento e número de leitões desmamados. Conclui-se que devem ser utilizadas para avaliação genéticas destas características metodologias que não desprezem as correlações existentes entre elas na população em questão. Foi utilizada a combinação de dados genômicos e pedigree para estudar a importância das variâncias genéticas aditivas e de dominância de características de crescimento e de carcaça em uma população de suínos  $F_2$ . Foram utilizados dois modelos GBLUP, um modelo sem a inclusão do efeito poligênico (ADM) e um modelo com o efeito poligênico (ADMP). Efeitos aditivos apresentaram maior contribuição para o controle de características de crescimento e de carcaça. Além disso, o efeito de dominância foi importante para todas as características, mostrando um papel mais relevante na espessura de toucinho. As herdabilidades no sentido restrito e no sentido amplo para as características de crescimento variaram de 0,06 a 0,42 e de 0,10 a 0,51, respectivamente e para as características de carcaça de 0,07 a 0,37 no sentido restrito e de 0,10 a 0,76 no sentido amplo, mostrando grande variação. A inclusão do efeito poligênico no modelo ADMP mudou as estimativas de herdabilidade no sentido amplo apenas para peso ao nascimento e peso aos 21 dias de idade.

## ABSTRACT

COSTA, Edson Vinicius, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, february 2014.  
**Multi-trait models and dominance effect in genetic evaluation of pigs.**  
Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-advisers: Fabyano Fonseca e Silva and Simone Eliza Facioni Guimarães.

The aim of this study was to genetically evaluate litter traits in Landrace pigs using bi-trait, multi-trait and repeatability models and to estimate the dominance effect with and without the inclusion of polygenic effect for growth and carcass traits in a F2 pig population. For Landrace pigs, the following traits were evaluated: number of piglets born at first (NLN1), second (NLN2) and third (NLN3) farrowings; number of piglets weaned at first (NLD1), second (NLD2) and third (NLD3) farrowings; litter weight at birth at first (PLN1), second (PLN2) and third (PLN3) farrowings; litter weight at weaning at first (PLD1), second (PLD2) and third (PLD3) farrowings; average piglets weight at birth at first (PMLN1), second (PMLN2) and third (PMLN3) farrowings; average piglets weight at weaning at first (PMLD1), second (PMLD2) and third (PMLD3) farrowings. The analysis among farrowings using multi-trait and repeatability models showed that the additive genetic variance and heritability for the first farrowing were lower than those estimated in the other farrowings, indicating that the expression of the studied traits at first farrowing is probably controlled by different genes or different genes combinations from those that regulate the expression of the second and third farrowings. The genetics correlations among the three farrowings, using multi-trait model for average piglets weight at birth (0.9809 to 0.9970) and average piglets weight at weaning (0.9610 to 0.9800), were high, but different from the unit. The other traits showed correlations with lower magnitude. These results are insufficient to consider these traits in the three farrowing orders as being genetically the same trait. We conclude that the multi-trait model is recommended for genetic evaluation of these traits in different farrowings, considering different farrowings as different traits. The traits were also analyzed within each farrowing with a bi-trait animal model. These analyses showed that the genetic correlations between birth and weaning traits were positive and high in all farrowings, which indicates that selection for improving the traits at birth results in genetic gain of the same traits at weaning. However, these traits at birth should be included in the analyses due to negative genetic correlations between litter size and average piglet weight at birth and at

weaning, number of piglets weaned and average piglet weight at birth and at weaning and between litter weight at birth and number of weaned piglets. We conclude that methods that consider the correlations among these traits in this population should be used for genetic evaluation of the traits. In another approach, the combination of genomic data and pedigree was used to study the importance of additive and dominance genetic variances of growth and carcass traits in a F2 pig population. Two GBLUP models were used, a model without inclusion of the polygenic effect (ADM) and a model with the polygenic effect (ADMP). Additive effects showed a greater contribution towards the control of growth and carcass traits. Moreover, the dominance effect was important for all traits, showing a more relevant role in backfat thickness. The narrow-sense and broad-sense heritability estimates for growth (0.06 to 0.42; 0.10 to 0.51, respectively) and carcass (0.07 to 0.37; 0.10 to 0.76, respectively) traits showed wide variation. The inclusion of the polygenic effect in the ADMP model changed the broad-sense heritability estimates only for birth weight and weight at 21 days of age.

## INTRODUÇÃO GERAL

Para se obter o suíno terminado há necessidade de se ter o leitão desmamado, e o desempenho dos animais em crescimento e terminação é dependente de seu desenvolvimento nas fases anteriores. É essencial para o sucesso da criação de suínos um bom desempenho reprodutivo das matrizes, em especial o tamanho, o peso de leitegada e o peso médio do leitão. Em razão da importância destas características, maiores ganhos poderiam ser obtidos incluindo as mesmas no processo de avaliação genética.

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 (BARBOSA, 2007).

Segundo Keele et al. (1991), a estimação dos componentes de variância é necessária para estabelecer estratégias de seleção para o melhoramento genético de suínos. A avaliação de componentes para características contínuas se dá predominantemente por meio de metodologia de modelos mistos. Em particular, a máxima verossimilhança restrita tem sido amplamente utilizada para análise de tais características. Entre as vantagens desse método estão o fato de proporcionar uma predição não-viesada dos valores genéticos, levar em consideração as relações de parentesco, e permitir a comparação de animais em níveis distintos de efeitos fixos (MEYER, 2006).

A seleção de características reprodutivas tem sido praticada devido a sua importância econômica e pelo fato de o melhoramento genético já ter atingido níveis próximos aos desejados para as características de desempenho e de carcaça.

Segundo Rydhmer (2000), o tamanho da leitegada é a característica reprodutiva mais importante já que é considerada em vários programas de melhoramento. O peso ao nascer é um dos fatores que mais influenciam na sobrevivência do leitão e no peso ao desmame e está inversamente relacionado com o tamanho da leitegada, logo, o equilíbrio entre essas características é sempre desejável.

O número de leitões desmamados é uma das características mais importantes na produção de suínos. A seleção direta para esta característica é geralmente restrita devido à prática de uniformização de leitegadas o que

dificulta a correta estimação dos parâmetros genéticos para tal característica (SU et al., 2007; HERMESCH et al., 2002). Resultados encontrados por Wolf et al. (2008) mostraram que a seleção para aumento no tamanho da leitegada diminui o peso do leitão ao nascimento e aumenta a variação, dentro da leitegada, do peso ao nascimento, e que essas mudanças causam um aumento no número de leitões natimortos e no número de mortes do nascimento à desmama.

Deste modo, o estudo e o planejamento que visam a obtenção de ganho genético nas características de leitegada, são fundamentais para que se maximize o lucro na produção de suínos.

A expressão do efeito genético aditivo de características complexas como características de carcaça e de desempenho resultam do efeito acumulativo de numerosos genes e da variância genética não aditiva, incluindo os efeitos de dominância e epistasia, sendo o efeito de dominância o mais importante (GENGLER et al., 1998). Efeitos genéticos de dominância resultam da ação de pares de alelos de um loco em uma característica. Se dois animais tem pais ou avós em comum, é possível que eles possuam pares de alelos em comum (MRODE e THOMPSON, 2005). A estimação da variância de dominância permite uma estimação não-viesada da herdabilidade, mais acurada predição do efeito genético aditivo e o uso do efeito de dominância em cruzamentos ou estratégias especiais de acasalamentos. Entretanto, o efeito de dominância tem sido ignorado, sobretudo em populações  $F_2$  (WRIGHT e MOWERS, 1994; WHITTAKER et al., 1996; JIA e XU, 2007). Poucos são os trabalhos que tratam da estimação da variância de dominância em suínos empregando apenas dados fenotípicos (ANGKURASERANEE, 2010; CULBERTSON et al., 1998; ISHIDA et al., 2001). A estimação genômica dessa variância é ainda mais rara (SU et al., 2012), apesar do potencial de obter estimativas mais acuradas e confiáveis para os componentes de variância comparados com a análise baseada apenas no pedigree (LEE et al., 2010).

Portanto, os objetivos do presente estudo foram: 1) analisar a utilização de modelos multicaracterístico e de repetibilidade para avaliar geneticamente características de leitegada em diferentes ordens de parto em suínos da raça Landrace; 2) estimar as correlações genéticas e fenotípicas entre características de leitegada em três partições via modelo animal bicaracterístico em suínos da raça Landrace; 3) estimar o efeito de dominância combinando

dados genômicos e de pedigree em características de crescimento e de carcaça em uma população de suínos cruzados (Piau X comercial).

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANGKURASERANEE, T. Estimation of additive and dominance variance for reproductive traits from different models in Duroc purebred. **Songklanakarin Journal of Science & Technology**, v. 32, n. 2, 2010.

BARBOSA, L. **Avaliação genética de suínos utilizando abordagens frequentistas e bayesianas**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, p.70, 2007.

CULBERTSON, M.; MABRY, J.; MISZTAL, I.; GENGLER, N.; BERTRAND, J.; VARONA, L. Estimation of dominance variance in purebred Yorkshire swine. **Journal of Animal Science**, v. 76, n. 2, p. 448-451, 1998.

GENGLER, N., MISZTAL, I., BERTRAND, J., CULBERTSON, M. Estimation of the dominance variance for postweaning gain in the US Limousin population. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 2515-2520, 1998.

HERMESCH, S.; LUXFORD, B.G.; GRASER, H.U. Genetic parameters for piglet mortality, within litter variation of birth weight, litter size and litter birth weight. Proc. Assoc. Advmt. **Animal Breeding Genetics**. v.14, 2002.

ISHIDA, T.; KUROKI, T.; HARADA, H.; FUKUHARA, R. Estimation of additive and dominance genetic variances in line breeding swine. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 14, n. 1, p. 1-6, 2001.

JIA, Z.; XU, S. Mapping quantitative trait loci for expression abundance. **Genetics**, v. 176, p. 611-623, 2007.

KEELE, J.W.; LONG, T.E.; JOHNSON, R.K. Comparison of methods of estimating variance components in pigs. **Journal of Animal Science**.v. 69, p. 1428-1434,1991.

LEE, S. H.; GODDARD, M. E.; VISSCHER, P. M.; VAN DER WERF, J. H. Research Using the realized relationship matrix to disentangle confounding factors for the estimation of genetic variance components of complex traits. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, 2010.

MEYER, K. 2006 WOMBAT – “Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood” In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, Belo Horizonte. Proceedings. I CD-ROM.

MRODE, R.; THOMPSON, R. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Cabi, 2005.

RYDHMER, L. Genetics of sow reproduction, including puberty, oestrus, pregnancy, farrowing and lactation. **Livestock Production Science**. v.66, p.1-12, 2000.



SU, G.; LUND, M.S.; SORENSEN, D. Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. **Journal of Animal Science**, v. 85, p.1385-1392, 2007.

SU, G.; CHRISTENSEN, O. F.; OSTERSEN, T.; HENRYON, M.; LUND, M. S. Estimating additive and non-additive genetic variances and predicting genetic merits using genome-wide dense single nucleotide polymorphism markers. **PloS one**, v. 7, n. 9, p. e45293, 2012.

WHITTAKER, J.; THOMPSON, R.; VISSCHER, P. On the mapping of QTL by regression of phenotype on marker-type. **Heredity**, v. 77, n. 1, 1996.

WRIGHT, A.; MOWERS, R. Multiple regression for molecular-marker, quantitative trait data from large F2 populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 305-312, 1994.

## CAPÍTULO I

### Estimação de parâmetros genéticos de características de leitegada em suínos da raça Landrace utilizando modelos multicaracterísticos e de repetibilidade

**Resumo:** Registros de animais da raça Landrace foram usados para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para as características número de leitões nascidos, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame em diferentes ordens de parto. Para a obtenção das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, por meio do programa Wombat. Foram avaliados dois modelos estatísticos: um multicaracterístico e um de repetibilidade. Foi obtido o percentual de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, com base nos valores genéticos preditos obtidos em ambos os modelos. Observou-se em todas as características analisadas no modelo multicaracterístico que as variâncias genéticas aditivas e herdabilidades estimadas para a primeira parição foram menores que as estimadas nas demais ordens de parto, o que indica que, provavelmente, a expressão dessas características estudadas no primeiro parto seja controlada por genes ou combinações gênicas diferentes daquelas que regulam a expressão das mesmas no segundo e no terceiro parto. As correlações genéticas entre as três primeiras ordens de parto no modelo multicaracterístico para as características peso médio do leitão ao nascimento (PMLN) e peso médio do leitão ao desmame (PMLD) foram altas, mas diferentes da unidade, as demais características apresentaram correlações genéticas de menor magnitude. Esses resultados são insuficientes para considerar estas características nas três primeiras ordens de parto como sendo, geneticamente, a mesma característica. O percentual de indivíduos em comum selecionados em ambos os modelos analisados não foi rigorosamente o mesmo. Conclui-se que o modelo multicaracterístico é recomendado para avaliações genéticas das características número de leitões nascidos e desmamados, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e a desmama nas diferentes partições, tratando diferentes partições como características diferentes.

**Palavras-chave:** avaliação genética, características reprodutivas, ordens de parto, REML

## Estimation of genetic parameters for litter traits in Landrace pigs using multi-trait and repeatability models

**Abstract:** Records of Landrace breed animals were used to estimate variance components and genetic parameters for the traits litter size, litter weight and average piglet weight, at birth and weaning, in different farrowings. Variance components and genetic parameters were estimated through the Restricted Maximum Likelihood Method, using the Wombat software. Two statistical models were evaluated (multi-trait and repeatability). The percentage of individuals selected based on predicted breeding values in different levels was obtained in both models. It was observed that using multi-trait model, the additive genetic variances and heritabilities for the first farrowing for all traits were lower than those estimated in other orders of farrowing, indicating that the expression of these traits studied at first farrowing is probably controlled by different genes or different gene combinations from those that regulate the expression of the second and third farrowings. The genetic correlations among the three farrowings, using multi-trait model for average piglets weight at birth and average piglets weight at weaning, were high, but different from the unit. The other traits showed correlations with lower magnitude. These results are insufficient to consider these traits in the first three farrowings as being genetically the same trait. We conclude that the multi-trait model is recommended for genetic evaluation of the traits litter size at birth, litter size at weaning, litter weight at birth, litter weight at weaning, average piglet weight at birth and average piglet weight at weaning in different farrowings, considering different farrowings as different traits.

**Key words:** genetic evaluation, reproductive traits, farrowing orders, REML

## INTRODUÇÃO

Segundo Rydhmer (2000), o tamanho da leitegada é a característica reprodutiva mais importante já que é considerada em vários programas de melhoramento genético de suínos. Os principais componentes desta característica são a taxa de ovulação, a sobrevivência embrionária, a sobrevivência fetal e sobrevivência do leitão do nascimento ao desmame, o direcionamento da seleção para esses componentes influenciaria de forma positiva o número de leitões desmamados (LUND et al., 2002). O peso ao nascer é um dos fatores que mais influem na sobrevivência do leitão e no peso ao desmame e está inversamente correlacionado com o tamanho da leitegada, por essa razão o equilíbrio entre essas características é essencial (FOX-CROFT et al., 2010).

No melhoramento genético das características de leitegada em suínos, verificar a existência de associação genética entre diferentes ordens de partos, ou entre a mesma característica em partos distintos, é de fundamental importância para se definir os métodos adequados de avaliação genética dos animais.

Acuradas estimativas de parâmetros genéticos para as características de leitegada são essenciais para estimação dos valores genéticos e otimização da predição da resposta genética à seleção. O uso de modelos mais adequados para esse tipo de análise pode contribuir para esse fim.

O modelo de repetibilidade, em que as características de leitegada em diferentes partos são tidas como medidas repetidas de uma mesma característica ainda têm sido utilizado em muitos programas de melhoramento, mas a base genética para estas características podem ser diferentes para cada parição (VANGEN, 1986; HALEY et al., 1988). Noguera et al. (2002) sugerem que as diferentes partições devam ser tratadas como características diferentes. Roehe e Kennedy (1995) relataram que uma condição para que se possa decidir pelo uso de um modelo de repetibilidade na avaliação genética de características reprodutivas em diferentes ordens de partos, é a igualdade das variâncias genéticas aditivas e residuais nos partos considerados nas análises.

Objetivou-se, neste estudo, analisar a utilização de modelos multicaracterísticos e de repetibilidade na avaliação genética de características de leitegada em suínos da raça Landrace em diferentes ordens de parto.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados no presente estudo são originários de suínos da raça Landrace produzidos por uma granja localizada no estado de Santa Catarina, Brasil, no período de 2003 a 2006.

Foram avaliadas as seguintes características reprodutivas nas três primeiras parições: número de leitões nascidos no primeiro (NLN1), segundo (NLN2) e terceiro (NLN3) partos; número de leitões desmamados no primeiro (NLD1), segundo (NLD2) e terceiro (NLD3) partos; peso da leitegada ao nascimento no primeiro (PLN1), segundo (PLN2) e terceiro (PLN3) partos; peso da leitegada ao desmame no primeiro (PLD1), segundo (PLD2) e terceiro (PLD3) partos; peso médio dos leitões ao nascimento no primeiro (PMLN1), segundo (PMLN2) e terceiro (PMLN3) partos; peso médio dos leitões ao desmame no primeiro (PMLD1), segundo (PMLD2) e terceiro (PMLD3) partos.

A consistência e análise crítica do banco de dados foi realizada utilizando o SAS, versão 9.3 (SAS Institute, Cary, NC, EUA). As estimativas dos componentes de (co) variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas utilizando-se o programa WOMBAT, descrito por Meyer (2007), por meio de algoritmos como AI, EM, DF e PX-EM para se encontrar o máximo da função de verossimilhança restrita. Foram obtidos os coeficientes de correlação genética entre as diferentes ordens de parto das características reprodutivas estudadas a partir dos componentes de (co) variância estimados.

Os modelos utilizados nas análises seguem a seguinte estrutura (em notação matricial):

$$y = Xb + Z_1a + \varepsilon \quad (\text{multicaracterístico})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + \varepsilon \quad (\text{repetibilidade})$$

em que:

$y$  = vetor de observações;

$b$  = vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

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

$a$  = vetor de efeitos genéticos aditivos;

$p$  = vetor de efeitos ambientais permanentes aleatórios;

$Z_1$  e  $Z_2$  = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos e ambientais permanentes aleatórios, respectivamente;

$\varepsilon$  = vetor de efeito residual.

Foi assumido para os efeitos aleatórios no modelo multicaracterístico:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \phi \\ \phi & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right),$$

em que:

$\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0$ , sendo  $\mathbf{A}$  uma matriz de relacionamento genético aditivo entre os animais e  $\mathbf{G}_0$  uma matriz de covariância genética aditiva entre as características;

$\mathbf{R} = \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0$ , sendo  $\mathbf{I}$  uma matriz identidade e  $\mathbf{R}_0$  uma matriz de covariâncias residuais entre as características;  $\phi$  é uma matriz de zeros;

$\otimes$  é o operador do produto Kronecker.

Foi assumido para os efeitos aleatórios no modelo repetibilidade:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \phi & \phi \\ \phi & \mathbf{P} & \phi \\ \phi & \phi & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right),$$

em que:

$\mathbf{G} = \mathbf{A} \sigma_a^2$ , sendo  $\mathbf{A}$  uma matriz de relacionamento genético aditivo entre os animais e  $\sigma_a^2$  a variância genética aditiva;

$\mathbf{P} = \mathbf{I} \sigma_p^2$ , sendo  $\mathbf{I}$  uma matriz identidade e  $\sigma_p^2$  a variância de efeitos ambientais permanentes;

$\mathbf{R} = \mathbf{I} \sigma_e^2$ , sendo  $\mathbf{I}$  uma matriz identidade e  $\sigma_e^2$  a variância residual;

$\phi$  é uma matriz de zeros.

Foi criado um índice com peso igual para todas as características do modelo multicaracterístico para possibilitar a obtenção dos seus valores genéticos preditos. Foram obtidos os percentuais de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, com base nos valores genéticos preditos obtidos nos modelos multicaracterístico e de repetibilidade.

**Tabela 1.** Número de observações, média e coeficiente de variação (CV) para número de leitões nascidos e desmamados, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e a desmama no primeiro, segundo e terceiro partos.

Características	Número de observações	Média	CV (%)
Grupo primeiro parto			
NLN1	565	10,59	23,11
NLD1	568	9,67	25,72
PLN1	537	14,41	40,93
PLD1	515	59,45	30,32
PMLN1	572	1,38	35,98
PMLD1	511	6,18	16,68
Grupo segundo parto			
NLN2	429	10,69	26,25
NLD2	418	10,00	26,75
PLN2	428	16,24	41,84
PLD2	391	67,39	29,15
PMLN2	428	1,56	43,98
PMLD2	382	6,71	17,20
Grupo terceiro parto			
NLN3	351	11,24	23,65
NLD3	343	10,53	24,94
PLN3	351	17,09	54,96
PLD3	321	69,65	28,70
PMLN3	351	1,54	45,49
PMLD3	314	6,65	16,66

NLN1, NLD1, PLN1, PLD1, PMLN1, PMLD1: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no primeiro parto, respectivamente;

NLN2, NLD2, PLN2, PLD2, PMLN2, PMLD2: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no segundo parto, respectivamente;

NLN3, NLD3, PLN3, PLD3, PMLN3, PMLD3: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no terceiro parto, respectivamente;

## RESULTADOS

As estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e as estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao

desmame nas três primeiras ordens de parto estão apresentadas nas tabelas 2, 3, 4, 5, 6 e 7, respectivamente.

Para a característica NLN (tabela 2), foram observados menores valores para as variâncias genética aditiva, residual e fenotípica na primeira ordem de parto no modelo multicaracterístico. A herdabilidade estimada para a mesma característica na primeira ordem de parto também foi inferior a das demais partições.

As covariâncias genética aditiva, residual e fenotípica observadas entre a primeira e terceira partição apresentaram menores valores se comparadas às outras covariâncias. Além disso, foi constatado aumento nos valores destas variâncias do primeiro para o segundo parto e queda do segundo para o terceiro, o mesmo padrão foi observado para as herdabilidades via modelo multicaracterístico.

As correlações genéticas para NLN foram altas entre a primeira e segunda ordem de parto e de menor magnitude entre a segunda e terceira partição.

A herdabilidade e a variância fenotípica estimadas utilizando o modelo de repetibilidade foram bem próximas dos valores das mesmas obtidas da média dos valores encontrados no modelo multicaracterístico nas três ordens de parto, 0,0755 e 6,9551, respectivamente. Nesse mesmo modelo o efeito de ambiente permanente mostrou-se mais pronunciado que a herdabilidade estimada.

O aumento das variâncias genética aditiva e fenotípica e da herdabilidade da primeira para a segunda ordem de parto e queda da segunda para a terceira na característica NLN também foi observado para característica NLD. Entretanto, a variância residual aumentou ao longo das três ordens de parto no modelo multicaracterístico.

Além disso, observou-se que os valores estimados de variância genética aditiva e de herdabilidade para NLD no primeiro parto foram inferiores e divergentes das estimativas desses parâmetros obtidos para essa característica nas demais ordens de parto. A correlação genética estimada entre a primeira e terceira ordem de parto foi baixa se comparada às demais correlações obtidas entre as diferentes partições.



**Tabela 2.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para número de leitões nascidos.

Modelo Multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,2837		
2 Parto	0,4302	0,9076	
3 Parto	0,2816	0,2942	0,4492
(Co) variâncias residuais			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	5,7363		
2 Parto	0,9741	7,0136	
3 Parto	0,6456	1,4630	6,4749
(Co) variâncias fenotípicas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	6,0200		
2 Parto	1,4043	7,9212	
3 Parto	0,9273	1,7572	6,9241
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0471		
2 Parto	0,8478	0,1146	
3 Parto	0,7889	0,4608	0,0649
Modelo de Repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma_a^2$	0,4887		
$\sigma_e^2$	5,6505		
$\sigma_p^2$	6,9703		
$\sigma_c^2$	0,8311		
$h^2$	0,0701		
$c_r^2$	0,1192		

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $\sigma_c^2$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c_r^2$ , razão entre variância de efeito ambiente permanente e variância fenotípica.

Ao comparar as estimativas dos componentes de variância para NLD no modelo de repetibilidade com as médias das mesmas em diferentes partições do modelo multicaracterístico, as que mais se aproximaram foram as residuais (5,7403 e 5,9594 modelo de repetibilidade e multicaracterístico, respectivamente) e as fenotípicas (6,8604 e 6,5349 modelo de repetibilidade e multicaracterístico, respectivamente). A herdabilidade observada no modelo de

repetibilidade foi inferior se comparada a média das herdabilidades estimadas nas diferentes ordens de parto no modelo multicaracterístico (0,0860).

O efeito de ambiente permanente foi bastante pronunciado na característica NLD assim como observado em NLN.

**Tabela 3.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para número de leitões desmamados.

Modelo Multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,2508		
2 Parto	0,3193	0,8216	
3 Parto	0,0374	0,4147	0,6543
(Co) variâncias residuais			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	5,6867		
2 Parto	0,7629	6,0567	
3 Parto	0,8044	1,0131	6,1348
(Co) variâncias fenotípicas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	5,9375		
2 Parto	1,0822	6,8783	
3 Parto	0,8417	1,4278	6,7890
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0422		
2 Parto	0,7033	0,1194	
3 Parto	0,0923	0,5656	0,0964
Modelo de Repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma_a^2$	0,3504		
$\sigma_e^2$	5,7403		
$\sigma_p^2$	6,8604		
$\sigma_c^2$	0,7697		
$h^2$	0,0511		
$c_r^2$	0,1122		

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $\sigma_c^2$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c_r^2$ : razão entre variância de efeito ambiente permanente e variância fenotípica.

A herdabilidade estimada para PLN (Tabela 4) com o modelo de repetibilidade foi superior se comparada com a primeira ordem de parto para a mesma característica via modelo multicaracterístico, mas inferior as

herdabilidades das demais partições. Foi observado para característica PLN um crescimento dos valores das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas ao longo das ordens de partos, diferentemente do padrão de aumento da primeira para a segunda partição e que da segunda para a terceira ordem de parto como observado nas características anteriores.

As estimativas de correlações genéticas observadas nesta característica foram altas, porém diferentes da unidade. A maior correlação estimada foi entre a primeira e terceira ordem de parto (0,9872) e a menor entre a primeira e segunda partição (0,9743).

As médias das variâncias genéticas aditivas, residuais e fenotípicas obtidas no modelo multicaracterístico foram (1,4105; 11,4229; 12,8337, respectivamente) inferiores as estimadas no modelo de repetibilidade.

O efeito de ambiente permanente em PLN apresentou valor muito baixo se comparado ao valor encontrado nas demais características analisadas.

A característica PLD (Tabela 5) apresentou variâncias genéticas aditivas bastante desuniformes ao longo das ordens de parto, sendo que a primeira correspondeu a apenas 21% da segunda e 24,8% da terceira variância genética aditiva. Entretanto, as variâncias residuais e fenotípicas foram mais uniformes, seguindo o mesmo padrão de crescimento da primeira para a segunda ordem de parto e queda da segunda para a terceira. A variância residual da primeira partição representou 90,4% da segunda e 90,6% da terceira ordem de parto, já a variância fenotípica da primeira ordem de parto representou 82,4 e 84,1% da segunda e terceira partições, respectivamente.

Para a característica PLD foram observadas altas correlações genéticas entre as ordens de parto, sendo a maior correlação observada entre a segunda e a terceira partição. A média das herdabilidades estimadas no modelo multicaracterístico (0,0815) foi superior à observada no modelo de repetibilidade.

Na característica PLD também observou-se o efeito de ambiente permanente bastante pronunciado, sendo maior que a herdabilidade estimada no mesmo modelo.

A variância residual estimada para PLD no modelo de repetibilidade ficou bem próxima da média das variâncias residuais estimadas no modelo multicaracterístico (331,9800), para a variância genética aditiva ocorreu subestimação no modelo de repetibilidade e para a variância fenotípica

superestimação se comparados às médias no modelo multicaracterístico (30,6900 e 362,6800 média das variâncias genéticas aditivas e fenotípica, respectivamente).

**Tabela 4.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para peso da leitegada ao nascimento.

Modelo Multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,1984		
2 Parto	0,4388	1,0227	
3 Parto	0,7629	1,7266	3,0105
(Co) variâncias residuais			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	9,5549		
2 Parto	1,6549	13,3040	
3 Parto	1,4660	2,4328	11,4100
(Co) variâncias fenotípicas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	9,7532		
2 Parto	2,0937	14,3270	
3 Parto	2,2288	4,1594	14,4210
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0203		
2 Parto	0,9743	0,0714	
3 Parto	0,9872	0,9840	0,2088
Modelo de Repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma_a^2$	1,4772		
$\sigma_e^2$	41,0840		
$\sigma_p^2$	42,8270		
$\sigma_c^2$	0,2656		
$h^2$	0,0345		
$c_r^2$	0,0062		

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $\sigma_c^2$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c_r^2$  razão entre variância de efeito ambiente permanente e variância fenotípica.

As maiores herdabilidades nas três ordens de parto foram observadas na característica PMLN (Tabela 6) se comparada as demais características estudadas. As maiores correlações genéticas também foram observadas nesta

característica, porém todas diferentes da unidade, sendo a maior correlação observada entre a segunda e terceira parição (0,9970).

**Tabela 5.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para peso da leitegada ao desmame.

Modelo Multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	9,4201		
2 Parto	15,1970	44,6510	
3 Parto	14,4600	40,6080	38,0110
(Co) variâncias residuais			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	310,3000		
2 Parto	39,5840	343,3600	
3 Parto	52,7760	27,4670	342,2900
(Co) variâncias fenotípicas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	319,7200		
2 Parto	54,7800	388,0200	
3 Parto	67,2350	68,0750	380,3000
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0295		
2 Parto	0,7410	0,1151	
3 Parto	0,7648	0,9857	0,1000
Modelo de Repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma^2_a$	22,4950		
$\sigma^2_e$	332,6500		
$\sigma^2_p$	382,3800		
$\sigma^2_c$	27,2360		
$h^2$	0,0588		
$c^2_r$	0,0712		

$\sigma^2_a$ : variância genética aditiva;  $\sigma^2_e$ : variância residual;  $\sigma^2_p$ : variância fenotípica;  $\sigma^2_c$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c^2_r$ : razão entre variância de efeito ambiente permanente e variância fenotípica.

Seguindo o mesmo padrão dos componentes de variâncias genética observados em NLN, NLD e PLD, a característica PMLN apresentou um crescimento em magnitude das variâncias genéticas aditivas da primeira para a segunda parição e decréscimo da segunda para a terceira ordem de parto. Nesta característica verificou-se que a menor variância residual foi estimada na

segunda ordem de parto, já para as variâncias genética aditiva e fenotípica na primeira parição.

As médias das variâncias genéticas aditivas, fenotípicas e residuais nas diversas partições no modelo multicaracterístico foram 0,0179, 0,0313 e 0,0493, respectivamente. Essas variâncias foram todas superestimadas no modelo de repetibilidade, já a herdabilidade nesse mesmo modelo ficou abaixo da média das herdabilidades no modelo multicaracterístico (0,3562).

**Tabela 6.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para peso médio dos leitões ao nascimento.

Modelo multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0097		
2 Parto	0,0159	0,0272	
3 Parto	0,0125	0,0214	0,0169
(Co) variâncias residuais			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0369		
2 Parto	0,0047	0,0269	
3 Parto	0,0052	0,0003	0,0302
(Co) variâncias fenotípicas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0467		
2 Parto	0,0207	0,0542	
3 Parto	0,0177	0,0218	0,0472
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,2074		
2 Parto	0,9843	0,5024	
3 Parto	0,9809	0,9970	0,3590
Modelo de Repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma_a^2$	0,0495		
$\sigma_e^2$	0,0350		
$\sigma_p^2$	0,0580		
$\sigma_c^2$	0,0037		
$h^2$	0,0858		
$c_r^2$	0,0660		

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $\sigma_c^2$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c_r^2$  razão entre variância de efeito ambiente permanente e variância fenotípica.

**Tabela 7.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para peso médio dos leitões ao desmame.

Modelo Multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0362		
2 Parto	0,0458	0,0627	
3 Parto	0,0594	0,0772	0,1016
(Co) variâncias residuais			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,7745		
2 Parto	0,1158	0,7714	
3 Parto	0,1306	-0,1032	0,6892
(Co) variâncias fenotípicas			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,8108		
2 Parto	0,1617	0,8342	
3 Parto	0,1901	-0,0261	0,7901
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1 Parto	2 Parto	3 Parto
1 Parto	0,0447		
2 Parto	0,9610	0,0752	
3 Parto	0,9800	0,9671	0,1285
Modelo de Repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma_a^2$	0,0596		
$\sigma_e^2$	1,0859		
$\sigma_p^2$	1,1954		
$\sigma_c^2$	0,0539		
$h^2$	0,0465		
$c_r^2$	0,0539		

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $\sigma_c^2$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c_r^2$ , razão entre variância de efeito ambiente permanente e variância fenotípica.

A Tabela 7 mostra que a herdabilidade estimada via modelo de repetibilidade foi muito próxima das estimadas pelo modelo multicaracterístico para PMLD no primeiro parto, porém inferior à média das mesmas. As variâncias residuais e fenotípicas foram superestimadas no modelo de repetibilidade se comparadas com as médias destas variâncias obtidas no modelo multicaracterístico (0,7450 e 0,8117, médias das variâncias residual e

fenotípica, respectivamente). A variância genética aditiva foi subestimada no modelo de repetibilidade.

A característica PMLD apresentou covariâncias fenotípica e residual negativas entre o segundo e terceiro parto, diferentemente do observado para as outras características. As correlações genéticas para esta característica foram muito altas variando de 0,9610 entre a primeira e segunda parição a 0,9800 entre a primeira e a terceira ordem de parto. As variâncias fenotípicas e residuais foram bastante homogêneas para esta característica no modelo multicaracterístico. As herdabilidades nesse mesmo modelo aumentaram ao longo das ordens de parto como ocorreu na característica PLN.

Observou-se na Tabela 8 que todas as características analisadas apresentaram a porcentagem de indivíduos em comum selecionados em ambos os modelos multicaracterístico e de repetibilidade, não foram rigorosamente os mesmos.

**Tabela 8.** Percentual de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, avaliados com base no modelo multicaracterístico e no modelo de repetibilidade para número de leitões nascidos e desmamados, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame.

Características	Percentual de indivíduos em comum selecionados em níveis crescentes		
	10%	20%	50%
NLN	87,01%	91,94%	84,74%
NLD	89,58%	86,92%	86,39%
PLN	79,23%	82,33%	75,11%
PLD	72,05%	69,92%	70,33%
PMLN	88,72%	93,12%	82,40%
PMLD	83,01%	80,92%	81,17%

## DISCUSSÃO

Um ponto controverso da análise de características leitegada em suínos é a consideração de registros de diferentes partições como medidas repetidas da mesma característica ou como diferentes características. Muitos programas de melhoramento ainda tem analisado características de leitegada em cada parição como medidas repetidas de uma mesma característica.



Foram observados nas características NLN, NLD, PLD, PMLN um aumento da herdabilidade do primeiro para o segundo parto e queda da segunda para a terceira ordem de parto. Esses resultados são concordantes com os obtidos por Roehe e Kennedy (1995), que observaram essa mesma tendência dos parâmetros ao avaliar suínos da raça Landrace com base na característica número de leitões desmamados. Segundo os mesmos autores esse fato pode estar relacionado à superestimação da variância genética no segundo parto devido há possibilidades de efeitos ignorados, como por exemplo o efeito materno, no modelo utilizado.

A característica PMLN apresentou maiores valores de herdabilidades para as três ordens de parto (Tabela 6). Damgaard et al. (2003), ao trabalharem com características de leitegada também encontraram herbabilidade de maior magnitude para a mesma característica em torno de 0,39.

Correlações genéticas altas foram observadas em PMLN e em PMLD, porém diferente da unidade. Segundo Barbosa et al. (2010), o conhecimento da magnitude das correlações entre partições é importante para definir o melhor processo de avaliação a fim de que os programas de seleção possam melhorar o ganho genético em suínos. Altas correlações genéticas entre partos sugerem que muitos genes envolvidos na expressão de algumas características em diferentes ordens de parto sejam os mesmos. Caso a característica possa ser considerada a mesma ao longo dos partos, um modelo de repetibilidade é o mais indicado, caso contrário, deve-se proceder a análise com a utilização de um modelo multicaracterístico (ROEHE e KENNEDY, 1995).

As menores herdabilidades foram encontradas na primeira partição em todas as características estudadas, resultados semelhantes foram relatados por Barbosa et al. (2010) e por Roehe e Kennedy (1995), que também encontraram maiores herdabilidades em ordens de parto mais tardias em comparação com a primeira. As estimativas de variâncias genéticas aditivas para todas as características avaliadas no primeiro parto, obtidas com o modelo multicaracterístico, também foram as mais discrepantes e com menores valores em relação aos valores observados nas demais ordens de parto. Essa diferença nas variâncias genéticas aditivas sugere, segundo Arango et al. (2005), uma tendência sistemática para expressão dos efeitos

genéticos aditivos destas características com o progresso da vida reprodutiva da porca.

As variâncias residuais e fenotípicas, apesar de próximas em diferentes partições para algumas características, como PLD e PMLN, as mesmas não foram iguais, principalmente entre as obtidas na primeira ordem e as obtidas nas demais ordens de parto. As covariâncias genéticas aditivas, residuais e fenotípicas estimadas entre as diferentes ordens de parto no modelo multicaracterístico também se apresentaram heterogêneas. Segundo Roehe e Kennedy (1995) o aumento, em geral, da herdabilidade de acordo com a ordem de parto e a heterogeneidade dos componentes de variâncias, é um bom indicador da existência de diferentes bases genéticas atuando nas características de leitegada ao longo da vida reprodutiva da porca.

Nogueira et al. (2002) sugeriram que é possível que diferentes genes ou combinações diferentes de genes estejam envolvidos em cada parto, devido ao desenvolvimento hormonal e fisiológico das matrizes, evidenciando a existência de diferentes bases genéticas atuando nas características de tamanho de leitegada, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame ao longo da vida reprodutiva da porca.

Quando se analisa dados que podem ter bases genéticas distintas utilizando modelo de repetibilidade, assume-se viés nas predições. Portanto, a utilização do modelo de repetibilidade poderia resultar em sub ou superestimação das variâncias ao longo das ordens de parto para as características avaliadas neste estudo.

Ao observar o percentual de indivíduos em comum selecionados em diferentes níveis, verifica-se que uma fração considerável deixaria de ser selecionada com base na escolha do modelo estatístico, podendo resultar em comprometimento no ganho genético para as características analisadas. Deste modo, para estas características, nesta população, o modelo multicaracterístico deve ser utilizado para avaliação genética.

## **CONCLUSÃO**

O modelo multicaracterístico é recomendado para avaliações genéticas das características número de leitões nascidos e desmamados, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame nas diferentes partições, tratando diferentes partições como características diferentes.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARANGO, J.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; CULBERTSON, M.; HERRING, W. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. **Journal of Animal Science**, v. 83, n. 3, p. 499-506, 2005.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; TORRES, R. D. A.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; VERONEZE, R. Estimation of variance components, genetic parameters and genetic trends for litter size of swines. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 10, p. 2155-2159, 2010.

DAMGAARD, L. H.; RYDHMER, L.; LØVENDAHL, P.; GRANDINSON, K. Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling. **Journal of Animal Science**, v. 81, n. 3, p. 604-610, 2003.

FOXCROFT, G.; PATTERSON, J.; DYCK, M. Improving production efficiency in a competitive industry. In: PROCEEDINGS OF THE MANITOBA SWINE SEMINAR, 2010, **Anais.**, 2010. p. 81-98.

HALEY, C.; AVALOS, E.; SMITH, C. Selection for litter size in the pig. In: ANIM. BREED. ABSTR, 1988, **Anais.**, 1988. p. 317-332.

LUND, M. S.; PUONTI, M.; RYDHMER, L.; JENSEN, J. Relationship between litter size and perinatal and pre-weaning survival in pigs. **ANIMAL SCIENCE-GLASGOW-**, v. 74, n. 2, p. 217-222, 2002.

MEYER, K. WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**, v. 8, n. 11, p. 815-821, 2007.

NOGUERA, J.; VARONA, L.; BABOT, D.; ESTANY, J. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: II. Response to selection for litter size and correlated response to production traits. **Journal of Animal Science**, v. 80, n. 10, p. 2548-2555, 2002.

ROEHE, R. and KENNEDY, B. 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, n. 10, p. 2959-2970, 1995.

RYDHMER, L. Genetics of sow reproduction, including puberty, oestrus, pregnancy, farrowing and lactation. **Livestock Production Science**, v. 66, n. 1, p. 1-12, 2000.

SAS. User's guide. Versão 9.3. Cary: SAS Institute, 2011

TARTAR, M. Analyse critique des possibilités d'estimation du potentiel génétique des truies reproductrices. **Paris: Université Paris-Sud, DEA de Génétique Quantitative et Appliquée**, 1981.

VANGEN, O. Genetic control of reproduction in pigs: from parturition to puberty. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 1986, **Anais.**, 1986. p. 168-179.

## CAPÍTULO II

### Avaliação genética dentro de partos de características de leitegada em suínos da raça Landrace utilizando análises de bicaracterísticas

**Resumo:** Objetivou-se neste estudo estimar as correlações genéticas e fenotípicas entre o número de leitões, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame nas três partições de suínos da raça Landrace. As seguintes características foram analisadas: número de leitões nascidos no primeiro (NLN1), segundo (NLN2) e terceiro (NLN3) partos; número de leitões desmamados no primeiro (NLD1), segundo (NLD2) e terceiro (NLD3) partos; peso da leitegada ao nascimento no primeiro (PLN1), segundo (PLN2) e terceiro (PLN3) partos; peso da leitegada ao desmame no primeiro (PLD1), segundo (PLD2) e terceiro (PLD3) partos; peso médio dos leitões ao nascimento no primeiro (PMLN1), segundo (PMLN2) e terceiro (PMLN3) partos; peso médio dos leitões ao desmame no primeiro (PMLD1), segundo (PMLD2) e terceiro (PMLD3) partos. As análises foram realizadas dentro de cada parto, utilizando modelo animal bicaracterístico. As correlações genéticas entre as características NLN e PLN, NLN e PLD, NLD e PLD e entre cada característica ao nascimento e ao desmame foram positivas. Já as correlações genéticas entre NLN e PMLN, NLN e PMLD, NLD e PMLN, NLD e PMLD e entre NLD e PLN tenderam a ser negativas. Esses resultados indicam que devem ser utilizadas metodologias que não desprezem tais correlações, para tanto, no processo de seleção, devem ser adotados procedimentos multivariados. Mas a análise destas seis características, simultaneamente, certamente levaria a problemas computacionais. Uma alternativa para este problema seria descartar características altamente correlacionadas. Altas correlações, principalmente genéticas, entre as características de nascimento e desmama nas diferentes ordens de parto, sugerem que a combinação de NLN, PLN e PMLN, em um único índice, poderia ser uma boa opção para se buscar, com maior eficiência otimizar o ganho genético do rebanho.

**Palavras-chave:** avaliação genética, características reprodutivas, REML

## Genetic evaluation of litter traits within farrowings in Landrace pigs using bi-trait analyzes

**Abstract:** The aim of this study was to estimate the genetic and phenotypic correlations among litter size, litter weight and average piglet weight, at birth and weaning, in the three first farrowings of Landrace pigs. The following traits were analyzed: number of piglets born at first (NLN1), second (NLN2) and third (NLN3) farrowings; number of piglets weaned at first (NLD1), second (NLD2) and third (NLD3) farrowings; litter weight at birth at first (PLN1), second (PLN2) and third (PLN3) farrowings; litter weight at weaning at first (PLD1), second (PLD2) and third (PLD3) farrowings; average piglets weight at birth at first (PMLN1), second (PMLN2) and third (PMLN3) farrowings; average piglets weight at weaning at first (PMLD1), second (PMLD2) and third (PMLD3) farrowings. The analyzes were performed within each farrowing using a bi-trait animal model. Genetic correlations between NLN x PLN, NLN x PLD, PLD x NLD and among all traits at birth and at weaning analyzed were positive. On the other hand, the genetic correlations between NLN x PMLN, NLN x PMLD, NLD x PMLN, NLD x PMLD and NLD x PLN tended to be negative. These results indicate that methods that do not despise such correlations should be used. For that, multivariate procedures must be used in selection process, but the simultaneous analysis of these six traits would lead to computational problems. An alternative would be the disposal of highly correlated traits. High genetic correlations were observed among birth and weaning traits of the different farrowing orders, suggesting that the combination of NLN, PLN and PMLN in a single index could be a good option to achieve, efficiently, higher genetic gain in the herd.

**Key words:** genetic evaluation, reproductive traits, REML

## INTRODUÇÃO

A prolificidade é uma das características mais importantes para o melhoramento genético de suínos (NOGUERA et al., 2002; BARBOSA et al., 2008). Segundo Lund et al. (2002) os principais componentes desta característica são taxa de ovulação, sobrevivência embrionária, sobrevivência fetal e sobrevivência do leitão do nascimento ao desmame, o direcionamento da seleção para esses componentes influenciaria de forma positiva o número de leitões desmamados.

Entretanto, o tamanho de leitegada pode estar parcialmente relacionado com a diminuição do peso médio do leitão. Mais precisamente, o aumento da mortalidade pode ser atribuída ao aumento da proporção de leitões com baixo peso (QUINIOU et al. 2002). Por essa razão o equilíbrio entre essas características é sempre desejável (FOXCRIFT et al., 2010).

O conhecimento de parâmetros genéticos das características de leitegada é necessário para estimar precisos valores genéticos, para combinar diferentes características de produtividade da porca na seleção, para otimizar esquemas de seleção e para prever respostas à seleção genética (ROEHE e KENNEDY, 1995). As correlações genéticas entre as diferentes partições de características de leitegada são de grande interesse e de fundamental importância para se definir os métodos adequados de avaliação genética e seleção. Segundo Sorensen et al. (2000), é prudente acompanhar as outras características de leitegada junto com o tamanho de leitegada a fim de evitar alterações genéticas indesejáveis.

Deste modo, objetivo do presente estudo foi estimar as correlações genéticas e fenotípicas entre o número de leitões, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame nas três partições de suínos da raça Landrace.

## MATERIAL E MÉTODOS

Dados de leitegada foram obtidos em partos de matrizes suínas da raça Landrace. O período de obtenção dessas informações foi de 2003 a 2006, em uma granja situada no estado de Santa Catarina, Brasil.

Analisaram-se as seguintes características: número de leitões nascidos no primeiro (NLN1), segundo (NLN2) e terceiro (NLN3) partos; número de leitões desmamados no primeiro (NLD1), segundo (NLD2) e terceiro (NLD3)

partos; peso da leitegada ao nascimento no primeiro (PLN1), segundo (PLN2) e terceiro (PLN3) partos; peso da leitegada ao desmame no primeiro (PLD1), segundo (PLD2) e terceiro (PLD3) partos; peso médio dos leitões ao nascimento no primeiro (PMLN1), segundo (PMLN2) e terceiro (PMLN3) partos; peso médio dos leitões ao desmame no primeiro (PMLD1), segundo (PMLD2) e terceiro (PMLD3) partos.

Dezessete grupos contemporâneos foram formados com base no ano e na estação de parição, e aqueles com menos de oito observações foram eliminados do banco de dados.

Os dados foram analisados em três grupos: grupo I (primeiro parto) - NLN1, NLD1, PLN1, PLD1, PMLN1 e PMLD1; grupo II (segundo parto) - NLN2, NLD2, PLN2, PLD2, PMLN2 e PMLD2; grupo III (terceiro parto) - NLN3, NLD3, PLN3, PLD3, PMLN3 e PMLD3 (terceiro parto). As análises foram realizadas dentro de cada parto, utilizando modelo animal bicaracterístico.

A edição do banco de dados foi realizada utilizando o SAS, versão 9.3 (SAS Institute, Cary, NC, EUA). As estimativas de correlações genéticas e fenotípicas foram obtidas utilizando-se o programa WOMBAT, descrito por Meyer (2007), por meio de algoritmos como AI, EM, DF e PX-EM para se encontrar o máximo da função de verossimilhança. Cada análise foi reiniciada com diversos 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.

Os valores genéticos preditos foram obtidos a partir destes componentes de variância, utilizando-se as equações de modelos mistos. Foram obtidos os coeficientes de correlação genética, dentro de uma mesma ordem de parto, entre as características reprodutivas a partir dos componentes de (co) variância estimados.

Foram utilizadas como critério de convergência as *prioris* do *default* do programa. O modelo utilizado segue a seguinte estrutura (em notação matricial):

$$y = Xb + Za + \epsilon \quad (\text{bicaracterístico})$$

em que:



$\mathbf{y}$  = vetor de observações;

$\mathbf{b}$  = vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

$\mathbf{X}$  = matriz de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

$\mathbf{a}$  = vetor de efeitos genéticos aditivos;

$\mathbf{Z}$  = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos;

$\epsilon$  = vetor de efeito residual.

Foi admitido que  $\mathbf{a}$  e  $\epsilon$  têm distribuição normal multivariada,

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \epsilon \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \phi \\ \phi & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right),$$

em que:

$\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0$ , sendo  $\mathbf{A}$ , matriz do numerador dos coeficientes de parentesco, de Wright;  $\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma^2_{a1} & \sigma_{a1,a2} \\ \sigma_{a2,a1} & \sigma^2_{a2} \end{bmatrix}$ , matriz de (co)variâncias genéticas aditivas;  $\otimes$ , operador do produto Kronecker;

$\mathbf{R} = \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0$ , sendo  $\mathbf{I}$  matriz identidade, e  $\mathbf{R}_0 = \begin{bmatrix} \sigma^2_{e1} & \sigma_{e1,e2} \\ \sigma_{e2,e1} & \sigma^2_{e2} \end{bmatrix}$ , matriz de (co)variâncias residuais.

O número de observações, as médias e os coeficientes de variação para as características de leitegada são apresentados na tabela 1 para as diferentes partições.

**Tabela 1.** Número de observações, média e coeficiente de variação (CV) para número de leitões nascidos e desmamados, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e ao desmame no primeiro, segundo e terceiro parto.

Característica	Número de observações	Média	CV (%)
Grupo primeiro parto			
NLN1	565	10,59	23,11
NLD1	568	9,67	25,72
PLN1	537	14,41	40,93
PLD1	515	59,45	30,32
PMLN1	572	1,38	35,98
PMLD1	511	6,18	16,68
Grupo segundo parto			
NLN2	429	10,69	26,25
NLD2	418	10,00	26,75
PLN2	428	16,24	41,84
PLD2	391	67,39	29,15
PMLN2	428	1,56	43,98
PMLD2	382	6,71	17,20
Grupo terceiro parto			
NLN3	351	11,24	23,65
NLD3	343	10,53	24,94
PLN3	351	17,09	54,96
PLD3	321	69,65	28,70
PMLN3	351	1,50	45,49
PMLD3	314	6,65	16,66

NLN1, NLD1, PLN1, PLD1, PMLN1, PMLD1: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no primeiro parto, respectivamente;

NLN2, NLD2, PLN2, PLD2, PMLN2, PMLD2: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no segundo parto, respectivamente;

NLN3, NLD3, PLN3, PLD3, PMLN3, PMLD3: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no terceiro parto, respectivamente;

## RESULTADOS

As médias e os coeficientes de variação para NLN e NLD nas duas primeiras partições foram bem próximos, já na terceira ordem de parto ocorreu um acréscimo na média. As médias para PLN e PLD seguiram um padrão de crescimento ao longo das partições e os coeficientes de variação apresentaram-se mais elevados se comparados com NLN e NLD. Para PMLN a média com maior valor foi observada na segunda partição, o mesmo padrão foi observado

para PMLD, porém para esta característica os coeficientes e de variação foram muito menores do que os observados em PMLN.

As estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre as características estudadas em cada ordem de parto são apresentadas na Tabela 2.

As correlações genéticas estimadas entre NLN e NLD, entre PLN e PLD e entre PMLN e PMLD foram altas na maioria das partições, com exceção da correlação genética estimada entre PLN e PLD na segunda partição que foi de 0,1028 e da mesma correlação entre NLN e NLD e entre PLN e PLD na segunda partição que foi 0,4696 e 0,3226, respectivamente. As correlações fenotípicas entre NLN e NLD, entre PLN e PLD e entre PMLN e PMLD foram positivas em todas as partições.

Verificou-se que as estimativas de correlações genéticas entre NLN e PLN foi negativa na primeira ordem de parto e positivas nas demais partições, aumentando sua magnitude da segunda para a terceira partição, já as correlações fenotípicas entre as mesmas características foram positivas e altas em todas as partições. Observou-se entre NLN e PMLN correlações genéticas negativas e altas nas duas primeiras partições, porém na terceira foi observada uma redução da magnitude se comparada às demais ordens de parto.

Observou-se entre as características NLN e PLD, correlações genéticas variando 0,3882 a 0,9669 nas diferentes partições, as correlações fenotípicas também foram todas positivas em todas as ordens de parto. Foram observadas estimativas de correlações genéticas altas e negativas tanto entre NLN e PMLD quanto entre NLD e PMLD, com exceção da correlação genética entre NLN e PMLD na segunda partição que foi de menor magnitude (-0,4772).

As correlações genéticas observadas entre as características PLN e PMLN e entre PLN e PMLD foram positivas e de alta magnitude para maioria das partições, exceto para a segunda partição entre PLN e PMLD que apresentou correlação genética baixa em relação às demais correlações estimadas entre as mesmas características. Foram observadas correlações genéticas negativas nas duas primeiras partições entre PLN e NLD, porém na terceira ordem de parto o valor estimado foi de 0,5717, as correlações fenotípicas foram positivas em todas as partições.

**Tabela 2.** Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) obtidas com o modelo bicaracterístico entre as características número de leitões nascidos e desmamados, peso da leitegada e peso médio do leitão ao nascimento e a desmama.

Ordem de parto e Características	NLN	PLN	PMLN	NLD	PLD	PMLD
<b>1</b>						
NLN		-0,6519	-0,9944	0,4696	0,5329	-0,8735
PLN	0,7442		0,9016	-0,3405	0,3226	0,8375
PMLN	-0,4283	0,2252		-0,8563	-0,2402	0,9990
NLD	0,8525	0,7166	-0,0818		0,8632	-0,9845
PLD	0,6719	0,7238	0,0668	0,8408		-0,8909
PMLD	-0,1186	0,1953	0,2811	-0,0528	0,4209	
<b>2</b>						
NLN		0,0641	-0,9312	0,9884	0,9669	-0,4772
PLN	0,8077		0,9884	-0,4230	0,1028	0,0255
PMLN	-0,2398	0,7486		-0,7179	-0,2972	0,9808
NLD	0,9082	0,7362	-0,3990		0,8963	-0,7430
PLD	0,7380	0,7567	-0,1464	0,8262		-0,4628
PMLD	-0,1634	0,1072	0,3846	0,2224	0,3458	
<b>3</b>						
NLN		0,4464	-0,2199	0,8778	0,3882	-0,8579
PLN	0,7920		0,8060	0,5717	0,9916	0,7138
PMLN	-0,3865	0,0539		-0,1099	0,8383	0,9937
NLD	0,9294	0,7926	-0,3054		0,8118	-0,8326
PLD	0,7583	0,7675	-0,0640	0,8279		-0,1851
PMLD	-0,1422	0,1244	0,4140	-0,0803	0,4664	

NLN1, NLD1, PLN1, PLD1, PMLN1, PMLD1: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no primeiro parto, respectivamente;

NLN2, NLD2, PLN2, PLD2, PMLN2, PMLD2: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no segundo parto, respectivamente;

NLN3, NLD3, PLN3, PLD3, PMLN3, PMLD3: número de leitões nascidos, número de leitões desmamados, peso da leitegada ao nascimento, peso da leitegada ao desmame, peso médio do leitão ao nascimento e peso médio do leitão ao desmame no terceiro parto, respectivamente;

Altas correlações genéticas negativas foram obtidas entre PMLN e NLD nas duas primeiras partições, na terceira ordem de parto o valor estimado foi negativo, mas de menor magnitude. As correlações fenotípicas entre as mesmas características foram negativas em todas as ordens de parto.

As correlações genéticas e fenotípicas entre NLD e PLD foram altas, positivas e bastante uniformes em todas as três ordens de parto, porém entre

PLD e PMLD apresentaram correlações genéticas negativas em todas as partições.

Foram estimadas correlações genéticas positivas entre as características NLN e NLD, entre PLN e PLD e entre PMLN e PMLD, sendo que na maioria das ordens de parto esta mesma correlação apresentou-se de alta magnitude.

## DISCUSSÃO

É necessário que se conheçam as correlações existentes entre as características para que se possa planejar melhor as estratégias de seleção em programas de melhoramento de qualquer espécie. O valor econômico das características avaliadas tem que ser levado em conta, uma vez que a seleção exercida sobre determinada característica poderá influenciar outras características.

As estimativas de correlações genéticas entre NLN e PLN obtidas neste estudo contrariam os achados de Alves (1986) onde o mesmo relatou que o tamanho e o peso de leitegada em suínos são correlacionados favoravelmente (genética e fenotipicamente), ou seja, maiores leitegadas ao nascer resultam em maiores pesos de leitegada ao nascer e aos 21 dias de idade, a segunda afirmação foi concordante com as estimativas obtidas neste trabalho entre NLN e PLD onde observou-se correlações fenotípicas com valores positivos. Entretanto, foi encontrada correlação genética negativa entre NLN e PLN na primeira ordem de parto, segundo Falconer & Mackay (1996) como a correlação fenotípica entre duas características depende das correlações genéticas e de ambiente e das herdabilidades de ambas as características. Se ambas as características apresentam baixas herdabilidades, então, a correlação fenotípica é determinada, principalmente, pela correlação ambiental. Assim a associação fenotípica entre NLN e PLN é resultante, principalmente, de fatores ambientais, sendo pouco influenciada geneticamente uma vez que a herdabilidade destas características são baixas. Pires et al. (2000), ao trabalharem com suínos da raça Landrace encontraram correlação genética de 0,68 entre número de leitões nascidos e peso da leitegada ao desmama, ja Zhang et al . (1999) estimaram uma correlação genética entre o peso da leitegada ao desmame e número de leitões nascidos vivos de  $-0,47$ .

Upnmoor (1984) encontrou estimativas de correlações genéticas entre tamanho de leitegada e peso médio dos leitões ao nascimento e aos 21 dias de idade negativas  $-0,86$  e  $-0,50$ , respectivamente, resultados concordantes com as estimativas de correlações genéticas obtidas entre NLN e PMLN, porém entre NLN e PMLD observou-se neste trabalho valores para as correlações genéticas superiores aos relatados pelo mesmo autor. Quiniou et al. (2002) ao trabalharem com matrizes cruzadas Large White X Landrace sugeriram que ao aumentar tamanho da leitegada de 11 para 16 leitões resultou em uma redução média do peso de nascimento de 1,59 para 1,26 Kg, o que corresponde a uma diminuição média de 35 g pra cada leitão adicional nascido. Concomitantemente, a proporção de leitões leves, ou seja, com peso inferior a 1,0 kg, aumenta de 7 para 23% do total de nascidos e ainda leitões com peso corporal abaixo de 1,0 kg ao nascimento, mais de 11% destes leitões são natimortos e, posteriormente, mais de 17% morrem nas primeiras 24 horas de vida refletindo no peso da leitegada ao desmame. Esses resultados sugerem que estas características devem ser incluídas no programa de seleção de forma a obter um equilíbrio entre as mesmas. De acordo com Hermes et al. (2001) o peso médio dos leitões deve ser considerado em programas de melhoramento para evitar aumento nas taxas de mortalidade, como resultado de seleção para o aumento do tamanho da leitegada.

As correlações genéticas observadas entre PLD e PMLD foram altas e negativas em todas as ordens de parto, este fato pode ser explicado pelo fato do PLD estar positivamente correlacionado ao NLN, logo, o aumento do peso da leitegada é devido ao maior número de leitões nascidos, além disso o NLN também esta negativamente correlacionado ao PMLD, portanto, matrizes com grandes leitegadas tendem a desmamar os leitões mais leves devido ao aumento da concorrência entre leitões ( Kerr e Cameron, 1995).

Foram observadas correlações genéticas e fenotípicas positivas em todas as ordens de parto entre as características PLN e PMLN e entre PLN e PMLD, contrariando os resultados obtidos por Milagres et al. (1981) que observaram correlações genéticas e fenotípicas negativas entre o peso de leitegada ao nascimento e o peso médio do leitão ao nascer ( $r_g = -0,28$  e  $r_p = -0,27$ ) e aos 21 dias ( $r_g = -0,64$  e  $r_p = 0,72$ ). Uma explicação para os resultados obtidos por Milagres et al. (1981) é que o peso da leitegada ao nascimento relaciona-se mais fortemente ao aumento do tamanho da leitegada, e o ultimo

esta negativamente associado ao peso médio do leitão, por isso foram observadas correlações negativas.

As correlações genéticas entre PLN e NLD foram negativas nas duas primeiras ordens de parto e positiva na terceira, esse fato pode ser devido as correlações genéticas entre NLD e PMLN e entre NLD e PMLD que também foram negativas, a redução do peso médio do leitão pode implicar em aumento da mortalidade reduzindo assim o número de leitões desmamados, tornando as correlações entre PLN e NLD desfavoráveis (QUINIOU et al., 2002).

Foram observadas correlações genéticas negativas entre PMLN e PLD nas duas primeiras ordens de parto, Wilson et al. (1998) demonstraram que o ambiente uterino pode afetar o tamanho do feto em diferentes raças de suínos, em virtude da menor capacidade uterina nas duas primeiras ordens de parto gerando assim leitegadas mais leves.

A seleção para aumento do tamanho de leitegada ao nascidos resulta em maior número de leitões de baixo peso ao nascer podendo não fornecer um benefício para o produtor, a menos que sejam tomadas medidas para melhorar a sobrevivência dos leitões de baixo peso ao nascer (MILLIGAN et al., 2002). A seleção combinada para o tamanho da leitegada e peso da leitegada ao nascimento deverá resultar em maior número de suínos viáveis com alto potencial de crescimento (ROEHE, 1999).

Os resultados das correlações observadas sugerem, segundo Pires et al. (2000), que devem ser utilizadas metodologias ou procedimentos que não desprezem as mesmas. Entretanto, a análise destas seis características simultaneamente reduziria a eficiência computacional e para analisá-las duas a duas ou três a três reduziria a eficiência com que estas características seriam analisadas. Como foram estimadas altas correlações, principalmente as genéticas, entre as características de nascimento e desmama (NLN x NLD, PLN x PLD e PMLN e PMLD) na maioria das ordens de parto, sugere que a combinação de NLN, PLN e PMLN, em um único índice, pode ser uma boa opção para se buscar, com maior eficiência otimizar o ganho genético do rebanho.

## CONCLUSÃO

Devido à existência de correlações genéticas entre as características reprodutivas devem ser utilizadas, na avaliação destas, metodologias ou procedimentos que não desprezem tais correlações.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, R. D. O. **Estudo genético de características reprodutivas em suínos e avaliação de curvas de crescimento em cruzamentos dialélicos. 1986. 124 f.** 1986.f. - Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento)– Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1986.[Links]1986.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; TORRES, R. D. A.; SANTANA JUNIOR, M. L.; VERONEZE, R. Estimation of genetic parameters for litter size in pigs using multi-trait analyses. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 11, p. 1947-1952, 2008.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; TORRES, R. D. A.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; VERONEZE, R. Estimation of variance components, genetic parameters and genetic trends for litter size of swines. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 10, p. 2155-2159, 2010.

FALCONER, D. S. e MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. London: Longman Group, 1996. 464p, 1996.

FOXCROFT, G.; PATTERSON, J.; DYCK, M. Improving production efficiency in a competitive industry. In: PROCEEDINGS OF THE MANITOBA SWINE SEMINAR, 2010, **Anais.**, 2010. p. 81-98.

HERMESCH, S.; LUXFORD, B.; GRASER, H. Genetic parameters for piglet mortality, within litter variation of birth weight, litter size and litter birth weight. 2001.

LUND, M. S.; PUONTI, M.; RYDHMER, L.; JENSEN, J. Relationship between litter size and perinatal and pre-weaning survival in pigs. **Animal Science-Glasgow**, v. 74, n. 2, p. 217-222, 2002.

KERR, J. C. & CAMERON, N. D. Reproductive performance of pigs selected for components of efficient lean growth. **Animal Science**. 60:281 290, 1995.

MEYER, K. WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**, v. 8, n. 11, p. 815-821, 2007.

MILAGRES, J.C., FEDALTO, L.M., PEREIRA, J.A.A., COSTA, P.M.A. Fontes de variação de tamanhos e pesos de leitegadas do nascimento aos 21 dias de idade, nas raças Duroc, Landrace e Large White. V. Parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 10, n. 4, p. 720-734, 1981.

MILLIGAN, B. N.; FRASER, D.; KRAMER, D. L. Within-litter birth weight variation in the domestic pig and its relation to pre-weaning survival, weight gain, and variation in weaning weights. **Livestock Production Science**, v. 76, n. 1, p. 181-191, 2002.



NOGUERA, J.; VARONA, L.; BABOT, D.; ESTANY, J. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: II. Response to selection for litter size and correlated response to production traits. **Journal of Animal Science**, v. 80, n. 10, p. 2548-2555, 2002.

PIRES, A. V.; LOPES, P. S.; TORRES, R. D. A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, A. D. Estimação de parâmetros genéticos de características reprodutivas em suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 6, p. 1698-1705, 2000.

QUINIQU, N.; DAGORN, J.; GAUDRE, D. Variation of piglets' birth weight and consequences on subsequent performance. **Livestock Production Science**, v. 78, n. 1, p. 63-70, 2002.

ROEHE, R. Genetic determination of individual birth weight and its association with sow productivity traits using Bayesian analyses. **Journal of Animal Science**, v. 77, n. 2, p. 330-343, 1999.

ROEHE, R.; KENNEDY, B. 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, n. 10, p. 2959-2970, 1995.

SAS. User's guide. Versão 9.3. Cary: SAS Institute, 2011

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, n. 1, p. 283-295, 2000.

UPNMOOR, I. **Influência de fatores genéticos e de ambiente sobre a produtividade de suínos mestiços Landrace e Large White**. Viçosa, MG: UFV, 1984. 180p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia)-Universidade Federal de Viçosa, 1984.

WILSON, M. E.; BIENSEN, N. J.; YOUNGS, C. R.; FORD, S. P. Development of Meishan and Yorkshire littermate conceptuses in either a Meishan or Yorkshire uterine environment to day 90 of gestation and to term. **Biology of reproduction**, v. 58, n. 4, p. 905-910, 1998.

ZHANG, S., BIDANEL, J. P., BURLLOT, T., NAVEAU, J., LEGAULT, C. Genetic parameters and trends in the Chinese × European Tiameslan composite line.I. Genetic parameters. **Genetics Selection Evolution**, 1999.

### CAPÍTULO III

Estimação da variância genética aditiva e de dominância para características complexas em suínos usando dados genômicos e de pedigree.

**Resumo:** O conhecimento sobre a contribuição do efeito de dominância é importante nas avaliações genéticas de suínos, pois pode proporcionar uma seleção mais acurada dos animais de raça pura bem como para permitir melhores estratégias de melhoramento, incluindo a exploração da heterose em cruzamentos. Neste trabalho, foi combinado dados genômicos e pedigree para estudar a importância das variâncias genéticas aditivas e de dominância de características de crescimento e de carcaça em uma população de suínos  $F_2$ . Foram utilizados dois modelos GBLUP, um modelo sem a inclusão do efeito poligênico (ADM) e um modelo com o efeito poligênico (ADMP). Efeitos aditivos apresentaram maior contribuição para o controle de características de crescimento e de carcaça. Além disso, o efeito de dominância foi importante para todas as características, mostrando um papel mais relevante na espessura de toucinho. As herdabilidades no sentido restrito e no sentido amplo para as características de crescimento variaram de 0,06 a 0,42 e de 0,10 a 0,51, respectivamente e de para as características de carcaça de 0,07 a 0,37 no sentido restrito e de 0,10 a 0,76 no sentido amplo, mostrando grande variação. A inclusão do efeito poligênico no modelo ADMP mudou as estimativas de herdabilidade no sentido amplo apenas para peso ao nascimento e peso aos 21 dias de idade.

**Palavras-chave:** Dominância, efeito poligênico, parâmetros genéticos, suínos Piau

## Estimating additive and dominance variances for complex traits in pigs combining genomic and pedigree information

**Abstract:** Knowledge about the contribution of dominance effect is expected to improve genetic evaluations and provide accurate selection of purebred animals as well as to enable better breeding strategies, including the exploitation of heterosis in crossbreds. In this paper we combined genomic and pedigree data to study the importance of additive and dominance genetic variations of growth and carcass traits in an F2 pig population. Two GBLUP models were used, a model without inclusion of the polygenic effect (ADM) and a model with the polygenic effect (ADMP). Additive effects showed a greater contribution towards the control of growth and carcass traits. Moreover, the dominance effect was important for all traits, showing a more relevant role in backfat thickness. The narrow-sense and broad-sense heritability estimates for growth (0.06 to 0.42; 0.10 to 0.51, respectively) and carcass (0.07 to 0.37; 0.10 to 0.76, respectively) traits showed wide variation. The inclusion of the polygenic effect in the ADMP model changed the broad-sense heritability estimates only for birth weight and weight at 21 days of age.

**Key Words:** Dominance, Genetic Parameters, Piau pigs, Polygenic effect

## INTRODUÇÃO

Características complexas são controladas por muitos genes com efeitos aditivos e não aditivos e por fatores ambientais. A expressão do efeito genético aditivo para essas características resultam do efeito acumulativo de numerosos genes e da variância genética não aditiva, incluindo os efeitos de dominância e epistasia, que resultam da interação entre alelos dentro e entre lócus, sendo o efeito de dominância o mais importante (GENGLER et al., 1998).

A partição da variância fenotípica em efeito genético aditivo e de dominância remove alguns dos fatores de confundimento que podem influenciar nos resultados da análise tais como o efeito comum de ambiente materno (MRODE e THOMPSON, 2005). Portanto, a estimação da variância de dominância permite estimação não-viesada da herdabilidade no sentido restrito, predição mais precisa do efeito genético aditivo e uso do efeito de dominância em cruzamentos ou estratégias especiais de acasalamentos (WEI e VAN DER WERF, 1993).

Tradicionalmente, a estimação da variância de dominância em populações de animais domésticos tem focado em dados fenotípicos e de pedigree (CULBERTSON et al., 1998; ISHIDA et al., 2001; SERENIUS, 2006; ANGKURASERANEE, 2010). A estimação deste efeito usando dados genômicos são normalmente negligenciados apesar do potencial de obter estimações mais acuradas e confiáveis para os componentes de variância comparados com a análise baseada no pedigree (LEE et al., 2010). Su et al. (2012) estimaram variância genética não aditiva para ganho de peso para suínos da raça Duroc usando dados genômicos. É esperado em animais cruzados que uma maior fração variância fenotípica seja atribuída ao efeito de dominância, entretanto em animais cruzados esse tipo de efeito em nível genômico ainda é desconhecido.

O conhecimento sobre a contribuição do efeito de dominância pode gerar ganhos na avaliação genética e fornecer seleções mais acuradas de animais puros bem como permitir melhores estratégias de coberturas incluindo a exploração da heterose em animais cruzados. Objetivou-se neste trabalho quantificar o efeito de dominância da variância fenotípica adequadamente separada da porção aditiva, combinando dados genômicos e de pedigree para estudo da importância variância genética aditiva e de dominância para

características de crescimento e de carcaça em uma população de suínos cruzados (comercial X Piau).

## **MATERIAL E MÉTODOS**

O experimento foi conduzido na Granja de Melhoramento Genético de Suínos da Universidade Federal de Viçosa. A população  $F_1$  foi gerada do cruzamento de dois reprodutores da raça local Piau com 18 matrizes comerciais (Landrace x Large White x Pietrain). Foi realizada a seleção aleatória de 11 reprodutores  $F_1$  e 54 matrizes  $F_1$ . Estes animais foram cruzados para gerar a população  $F_2$ .

O DNA foi extraído a partir de células brancas do sangue dos avós dos animais  $F_1$  e  $F_2$  no Laboratório de Biotecnologia do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa. Uma descrição detalhada dos procedimentos pode ser encontrada em Band et al. (2005). A partir da população  $F_2$ , 345 animais foram genotipados para 384 SNPs. Os SNPs chip de baixa densidade foram personalizados pela Illumina PorcineSNP60 BeadChip (RAMOS et al., 2009) através de regiões onde QTLs foram anteriormente detectados nesta população por fine-mapping (HIDALGO et al., 2013). Os SNPs foram submetidos a um controle de qualidade em que 66 marcadores foram descartados devido a não amplificação e 81 por apresentar uma frequência alélica mínima (MAF <0,05). Os marcadores SNPs foram distribuídos da seguinte forma nos cromossomos: SSC1 (56), SSC4 (54), SSC7 (59), SSC8 (31), SSC17 (25), totalizando assim 237 marcadores.

Os dados fenotípicos consistem de oito características de carcaça e sete de crescimento medidos nos animais  $F_2$ . Na Tabela 1 são apresentadas as médias e desvio-padrão para todas as características.

**Tabela 1.** Número de observações, média, desvio-padrão (SD) e coeficiente de variação (CV) para características de carcaça e de crescimento.

Característica	N	Média	SD	CV (%)
PCARC (Kg)	414	53,33	5,38	10,09
PCD (kg)	416	26,68	2,83	10,62
MLC (cm)	414	71,59	3,42	4,78
ETSH (mm)	416	40,56	5,54	13,67
ETL (mm)	417	19,52	4,75	24,36
ETUL (mm)	415	23,10	5,98	25,89
ETO (mm)	416	16,83	3,75	22,28
AOL (cm <sup>2</sup> )	381	26,40	4,00	15,15
PN (Kg)	333	1,20	0,27	22,50
P21 (Kg)	399	4,91	1,07	21,71
P42 (Kg)	400	8,31	1,85	22,24
P63 (Kg)	410	16,23	3,42	21,08
P77 (Kg)	414	21,35	4,37	20,44
P105 (Kg)	408	36,14	6,64	18,38
PA (Kg)	406	64,79	5,97	9,22

As características avaliadas foram: PCARC – peso da carcaça quente incluindo cabeça e pés; PCD – peso da caracça direita; MLC – comprimento da carcaça pelo método Americano de classificação de carcaça; ETSH – maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; ETL - menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; ETUL - espessura de toucinho medida entre a última e a penúltima vértebra lombar; ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar (mm); AOL – area de olho de lombo; PN – peso ao nascimento; P21 – peso ao 21 dias; P42 – peso aos 42 dias; P63 – peso aos 63 dias; P77 – peso aos 77 dias; P105 – peso aos 105 dias; PA – peso ao abate.

Dois modelos GBLUP foram usados para estimação dos parâmetros genéticos, o modelo ADM sem a inclusão do efeito poligênico e ADMP com a inclusão do efeito poligênico:

$$y = Xb + Za + Wd + \varepsilon \text{ (ADM)}$$

$$y = Xb + Za + Wd + Tg + \varepsilon \text{ (ADMP)}$$

em que:

$y$  é o vetor de observações,

$b$  é o vetor de efeitos fixos, incluindo o efeito de sexo, leitegada e gene Halotano ,

$a$  é o vetor de efeitos genéticos aditivos (valores genéticos),

$d$  é o vetor de efeitos devido a dominância,

$g$  é o vetor de efeitos poligênicos infinitesimais e

$\varepsilon$  é o vetor residual aleatório.

$X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $T$  são matrizes de incidência.

Assumiu-se que  $a \sim N(0, G\sigma_a^2)$ ;  $d \sim N(0, G_d\sigma_d^2)$  ;  $g \sim N(0, A\sigma_g^2)$ ;  $\varepsilon \sim N(0, I\sigma_e^2)$ .  $G$  é a matriz de correlação aditiva entre os indivíduos com base em informações genômicas, e pode ser construída utilizando as informações de marcador SNP de acordo com VanRaden (2008):

$$G = \frac{MM'}{\sum 2p_iq_i}$$

em que:  $M$  é uma matriz  $n \times m$  ( $n$  = número de animais,  $m$  = número de locos marcadores ), dada por elementos  $(-2p)$ ,  $(q-p)$  e  $(2q)$  para os genótipos marcadores dos tipos  $mm$ ,  $Mm$  e  $MM$ , respectivamente, em que  $p$  e  $q$  são as frequências alélicas.  $G_d$  é a matriz de parentesco de dominância de base genômica,

$$G_d = \frac{SS'}{\sum (2p_iq_i)^2}$$

em que: a matriz  $S$  é composta por valores  $(-2p^2)$ ,  $(2pq)$  e  $(-2q^2)$  para os genótipos marcadores dos tipos  $mm$ ,  $Mm$  e  $MM$ , respectivamente (VITEZICA et al., 2013).

Um método Bayesiano sob modelo aditivo-dominância similar ao G-BLUP de VanRaden (2008) ou método de Regressão Bayesiana foi ajustado utilizando o software GS3 (LEGARRA et al., 2011) via MCMC-REML/BLUP atribuindo distribuições *a priori flat* (graus de liberdade -2 para as variâncias genéticas e residuais, o que torna a distribuição qui-quadrado invertida em uma distribuição uniforme para os componentes de variância). Sob essas distribuições, o MCMC equivale ao método G-BLUP.

Foram utilizadas 100.000 iterações para os algoritmos MCMC dos diferentes modelos, com as primeiras 20 mil iterações descartadas como *burn in*. Depois de executar a cada conjunto de 10 iterações (*thin*), uma amostra foi mantida com o objetivo de calcular uma estatística *a posteriori*. Assim, 10.000 amostras MCMC foram utilizadas para a construção de densidades *posterioris*. A convergência das cadeias de Markov foi verificada até que a convergência fosse alcançada.

Segundo Resende et al. (2012) as variâncias genéticas aditiva e de dominância foram calculadas de acordo com as equações:

Variância aditiva:

$$\sigma_a^2 = \sum_{i=1}^n 2 p_i q_i \alpha_i^2 \quad \alpha = a + [q - p]d$$

$\alpha_i^2$  é a variância aditiva atribuída ao *loco* i.

Variância de dominância

$$\hat{\sigma}_d^2 = \sum_{i=1}^n (2 p_i q_i)^2 d_i^2$$

$d_i^2$  é a variância de dominância atribuída ao *loco* i.

## RESULTADOS

O modelo ADM, incluindo efeito aditivo e de dominância, foi utilizado para estimar os componentes de variâncias e herdabilidades para as 15 características de carcaça e de crescimento apresentadas na tabela 2.

Para o efeito de dominância, a característica de carcaça ETL apresentou 37,5% da variância fenotípica observada, enquanto PCD apresentou a menor proporção deste efeito (2,7%). Em relação ao efeito aditivo, a característica de carcaça ETL apresentou a mais alta herdabilidade no sentido restrito (0,37), enquanto PCARC mostrou a estimativa mais baixa (0,07). Para a herdabilidade no sentido amplo, a característica de carcaça ETL apresentou a maior estimativa (0,76), enquanto PCARC apresentou a menor (0,10).

A característica de crescimento P21 apresentou o efeito de dominância de maior magnitude respondendo por 10% da variação fenotípica observada,



enquanto P42 apresentou o menor efeito (4%). Em relação às estimativas de herdabilidade no sentido restrito e amplo, P21 apresentaram as maiores estimativas (0,42 e 0,51, respectivamente) e PA exibiu as estimativas mais baixas (0,06 e 0,10, respectivamente).

Tabela 2. Média das distribuições *a posteriori* dos parâmetros genéticos estimados usando os modelos ADM e ADMP.

	Parâmetros	ETL	ETSH	ETUL	ETO	AOL	MLC	PCARC	PCD	PN	P21	P42	P63	P77	P105	PA
ADM	$\sigma_a^2$	7,60	5,57	16,67	4,50	7,06	5,59	1,42	0,50	0,03	0,77	0,52	2,03	3,33	8,02	6,90
	$\sigma_d^2$	7,86	8,56	10,00	3,62	6,09	2,26	0,67	0,17	0,01	0,22	0,22	0,95	1,05	3,79	7,00
	$\sigma_e^2$	4,87	18,68	19,02	5,61	62,92	9,25	23,06	6,15	0,09	1,18	5,39	14,67	14,48	50,58	144,43
	$\sigma_f^2$	20,33	32,81	45,69	13,73	76,07	17,10	25,15	6,82	0,13	2,17	6,13	17,65	18,86	62,39	158,33
	$h_a^2$	0,37	0,17	0,36	0,33	0,09	0,33	0,06	0,07	0,25	0,36	0,08	0,11	0,18	0,13	0,04
	$h_d^2$	0,39	0,26	0,22	0,26	0,08	0,13	0,03	0,02	0,08	0,10	0,04	0,05	0,06	0,06	0,04
	$h_g^2$	0,76	0,43	0,58	0,59	0,17	0,46	0,08	0,10	0,33	0,46	0,12	0,17	0,23	0,19	0,09
ADMP	$\sigma_a^2$	7,67	5,76	16,90	4,71	6,68	5,63	1,12	0,38	0,01	0,30	0,29	1,64	1,33	6,22	6,31
	$\sigma_d^2$	7,03	9,01	9,62	3,41	6,25	2,28	0,64	0,16	0,00	0,08	0,15	0,78	0,72	3,20	7,28
	$\sigma_e^2$	4,04	17,06	18,10	5,05	60,41	8,33	21,71	5,58	0,01	0,26	6,62	12,85	7,76	46,13	143,30
	$\sigma_f^2$	18,73	31,82	44,61	13,16	73,34	16,23	23,48	6,13	0,02	0,64	7,06	15,27	9,81	55,54	156,89
	$h_a^2$	0,41	0,18	0,38	0,36	0,09	0,35	0,05	0,06	0,39	0,46	0,04	0,11	0,14	0,11	0,04
	$h_d^2$	0,38	0,28	0,22	0,26	0,09	0,14	0,03	0,03	0,24	0,12	0,02	0,05	0,07	0,06	0,05
	$h_g^2$	0,78	0,46	0,59	0,62	0,18	0,49	0,08	0,09	0,65	0,59	0,06	0,16	0,21	0,17	0,09

Parâmetros genéticos estimados usando o modelo ADM que inclui os efeitos aditivos e de dominância e o modelo ADMP que inclui os efeitos aditivos, de dominância e poligênico.  $\sigma_a^2$  – variância genética aditiva;  $\sigma_d^2$  – variância devido ao efeito de dominância;  $\sigma_e^2$  – variância residual;  $\sigma_f^2$  – variância fenotípica;  $h_a^2$  – herdabilidade no sentido restrito;  $h_d^2$  - proporção da variância fenotípica devido a variância de dominância;  $h_g^2$  - herdabilidade no sentido amplo.

Os efeitos de dominância foram mais pronunciados para as seguintes características de carcaça: ETL, ETSH, ETL e ETO (Figura 1a) e menos expressivos que os efeitos aditivos em todas as características de crescimento analisadas (figura 1b). A característica de crescimento P21 apresentou o maior efeito de dominância respondendo por 10% da variação fenotípica observada, enquanto P42 apresentou o menor efeito (4%). Em relação às estimativas de herdabilidade no sentido restrito e amplo, P21 apresentou as maiores estimativas (0,42 e 0,51 respectivamente) e PA exibiu as estimativas mais baixas (0,06 e 0,10 respectivamente).

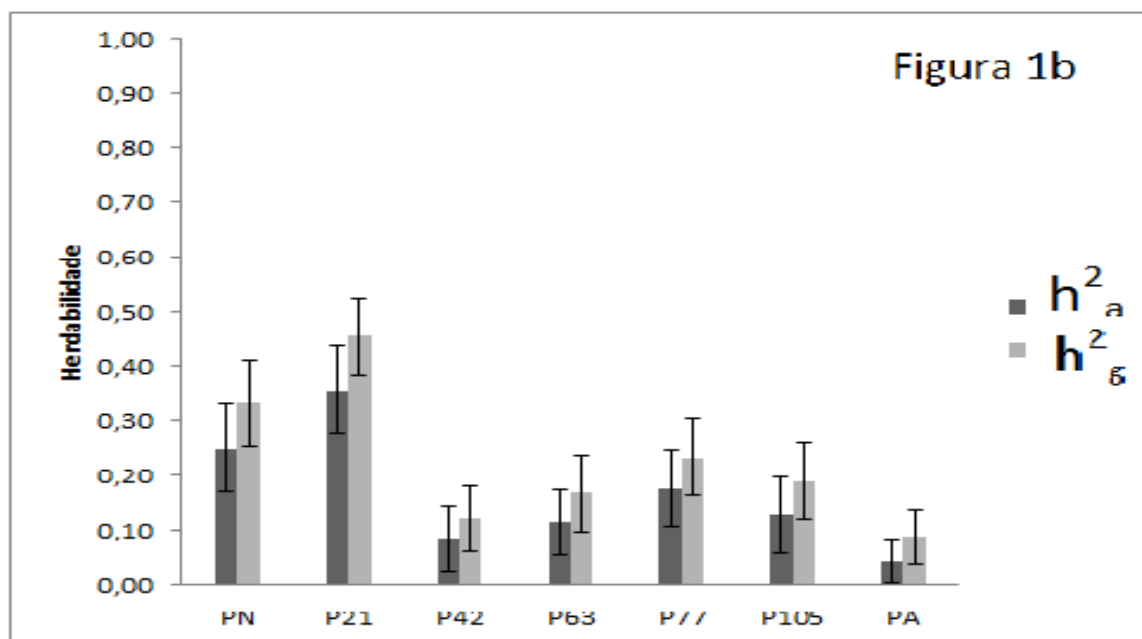
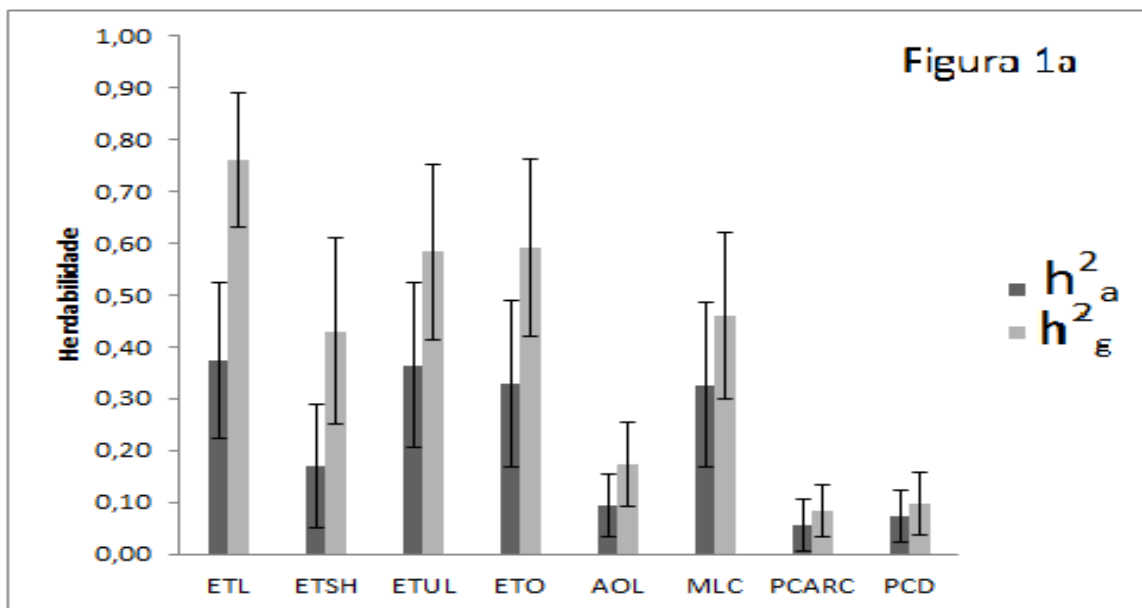


Figura1. Médias e desvios-padrão das distribuições *a posteriori* das herdabilidades no sentido amplo ( $h_g^2$ ) e restrito ( $h_a^2$ ) para características de carcaça (a) e de crescimentos (b).

De acordo com Solberg et al. (2009), quando um mapa com marcadores esparsos é utilizado, a inclusão do efeito poligênico pode capturar a variação genética que não está em ligação com marcadores. Para testar se a inclusão do efeito poligênico foi utilizado um modelo de estimação de parâmetros genéticos que incluía este efeito (ADMP). As estimativas dos componentes de variância e de herdabilidades resultantes da inclusão do efeito poligênico para as mesmas 15 características de carcaça e de crescimento são mostradas na tabela 2. As herdabilidades no sentido restrito e amplo e  $h_a^2$  para as características de carcaça apresentaram a mesma tendência em ambos os modelos. No entanto, para as características de crescimento PN e P21, as herdabilidades no sentido restrito e amplo e  $h_a^2$  apresentaram tendências diferentes nos dois modelos. No modelo de ADM a herdabilidade no sentido restrito e  $h_a^2$  foram menores do que o modelo ADMP para essas características.

## DISCUSSÃO

Foi particionada a variância genética em efeitos aditivos e de dominância em características complexas utilizando informações genômicas e pedigree da população de suínos cruzados.

Em geral, efeito aditivo apresentou maior contribuição para o controle das características de crescimento e de carcaça. Com exceção de PN e P21 a herdabilidade no sentido restrito para todas as demais características foi semelhante à observada na literatura (ISHIDA et al., 2001).

Em relação à variância total, o efeito de dominância apresentou maior contribuição para as características de espessura de toucinho, ETL, ETSH, ETL e ETO. O efeito de dominância foi mais pronunciado para estas características de carcaça. Isso pode ser explicado pelo uso da raça naturalizada brasileira Piau para gerar a população F<sub>2</sub>. A raça Piau apresenta maior deposição de gordura, não foi submetida a um processo de melhoramento e seleção para características de crescimento e de carcaça, sendo completamente divergente das linhagens comerciais. Espera-se que os efeitos de dominância sejam mais pronunciados nas populações cruzadas (ORENGO et al., 2009) e quanto mais divergente forem as populações

parentais, maior deverá ser a magnitude deste efeito, devido ao aumento de heteroziguidade na população cruzada.

Foi observada também uma grande variação dos níveis de dominância para as características de carcaça sobre a variância total da população cruzadas analisada. Ao usar dados de pedigree de suínos da raça Landrace, Ishida et al. (2001) também relataram que a proporção de variância de dominância em relação à variância genética para características de carcaça variou 0 a 0,86.

Ao trabalhar com dados simulados, Wittenburg et al. (2011) concluíram que a estimativa de efeitos aditivos e não-aditivos (especialmente o de dominância) impactavam a acurácia das predições e a proporção de variação genética atribuída ao efeito aditivo. Assim, embora o efeito de dominância não tenha apresentado contribuição relevante para características de crescimento neste estudo, a inclusão desse efeito no modelo para estimação da variância pode melhorar a acurácia da predição do efeito aditivo.

As herdabilidades nos sentidos restrito e amplo variaram amplamente em características de carcaça e de crescimento. Para as características de carcaça ETL, ETSH, ETL e ETO, foi encontrada uma diferença considerável na magnitude das herdabilidades no sentido restrito e amplo sentido amplo em relação à herdabilidade no sentido restrito. Ao contrário, para todas as características de crescimento não foram encontradas grandes diferenças na magnitude entre ambas as herdabilidades.

Hidalgo et al. (2013), ao trabalharem com a mesma população deste estudo, detectaram QTL com efeitos de dominância para as características de carcaça MLC, AOL, ETL, ETSH e para as características de crescimento PN, P63 e P77 nos cromossomos 1, 4, 7, 8 e 17. Os resultados do presente estudo corroboram os resultados de Hidalgo et al. (2013), que demonstram a ocorrência de efeitos de dominância para essas características.

Ao trabalhar com dados simulados, Calus e Veerkamp (2007) também concluíram que a inclusão do efeito poligênico, além de informações marcador remove o viés em modelos de estimação de componentes de variância. No presente estudo, a inclusão do efeito poligênico no modelo ADMP mudou as estimativas de herdabilidade no sentido amplo para as características de crescimento PN e P21. Esta mudança pode ser porque o efeito poligênico

capturou a variância que não foi explicada pelos marcadores para essas características. Para as demais características de crescimento e de carcaça estudadas, o painel de marcadores usado explicou satisfatoriamente a variância total. A ausência de mudanças de tendência com a inclusão do efeito poligênico pode ser devida a esses marcadores estarem localizados em regiões onde QTL foram encontrados em estudos anteriores nesta população (HIDALGO, et al. 2013; SOUSA et al., 2011; PAIXÃO et al., 2008; SILVA et al., 2010). Logo, os marcadores utilizados capturaram a maioria dos genes que controlam tais características como resultado de desequilíbrio de ligação.

### CONCLUSÕES

Foi encontrado efeito de dominância em todas as características, porém, este mesmo efeito mostrou-se mais relevante para as características de espessura de toucinho.

O conhecimento sobre os efeitos genéticos que controlam as características econômicas é essencial para melhorar a eficiência do sistema de produção de suínos. Assim, os dados aqui revelados podem ser relevantes para o desenvolvimento de modelos mais acurados para prever os valores genéticos de animais e também o desempenho de cruzamentos.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANGKURASERANEE, T. Estimation of additive and dominance variance for reproductive traits from different models in Duroc purebred. **Songklanakarin Journal of Science & Technology**, v. 32, n. 2, 2010.

BAND, G. D. O.; GUIMARÃES, S. E. F.; LOPES, P. S.; PEIXOTO, J. D. O.; FARIA, D. A.; PIRES, A. V.; FIGUEIREDO, F. D. C.; NASCIMENTO, C. S. D.; GOMIDE, L. A. D. M. Relationship between the Porcine Stress Syndrome gene and carcass and performance traits in F2 pigs resulting from divergent crosses. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 1, p. 92-96, 2005.

CALUS, M.; VEERKAMP, R. Accuracy of breeding values when using and ignoring the polygenic effect in genomic breeding value estimation with a marker density of one SNP per cM. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, n. 6, p. 362-368, 2007.

CULBERTSON, M.; MABRY, J.; MISZTAL, I.; GENGLER, N.; BERTRAND, J.; VARONA, L. Estimation of dominance variance in purebred Yorkshire swine. **Journal of Animal Science**, v. 76, n. 2, p. 448-451, 1998.

GENGLER, N.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.; CULBERTSON, M. Estimation of the dominance variance for postweaning gain in the US Limousin population. **Journal of Animal Science**, v. 76, n. 10, p. 2515-2520, 1998.

HIDALGO, A. M.; LOPES, P. S.; PAIXÃO, D. M.; SILVA, F. F.; BASTIAANSEN, J. W.; PAIVA, S. R.; FARIA, D. A.; GUIMARÃES, S. E. Fine mapping and single nucleotide polymorphism effects estimation on pig chromosomes 1, 4, 7, 8, 17 and X. **Genetics and Molecular Biology**, v. 36, n. 4, p. 511-519, 2013.

ISHIDA, T.; KUROKI, T.; HARADA, H.; FUKUHARA, R. Estimation of additive and dominance genetic variances in line breeding swine. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 14, n. 1, p. 1-6, 2001.

LEE, S. H.; GODDARD, M. E.; VISSCHER, P. M.; VAN DER WERF, J. H. Research Using the realized relationship matrix to disentangle confounding factors for the estimation of genetic variance components of complex traits. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, 2010.

LEGARRA, A.; RICARDI, A.; FILANGI, O. **GS3: Genomic Selection, Gibbs Sampling, Gauss-Seidel (and BayesCp)** 2011.

MRODE, R.; THOMPSON, R. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Cabi, 2005.

ORENGO, J.; PILES, M.; RAFEL, O.; RAMON, J.; GÓMEZ, E. Crossbreeding parameters for growth and feed consumption traits from a five diallel mating scheme in rabbits. **Journal of Animal Science**, v. 87, n. 6, p. 1896-1905, 2009.

PAIXÃO, D. M., SILVA FILHO, M. I. D., PEREIRA, M. S., LOPES, M. S., BARBOSA, L., SOUZA, K. R. S., LOPES, P. S., GUIMARÃES, S. E. F. Quantitative trait loci for carcass, internal organ and meat quality traits on porcine chromosomes 16, 17 and 18. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, p. 898-901, 2008.

RAMOS, A. M.; CROOIJMANS, R. P.; AFFARA, N. A.; AMARAL, A. J.; ARCHIBALD, A. L.; BEEVER, J. E.; BENDIXEN, C.; CHURCHER, C.; CLARK, R.; DEHAIS, P. Design of a high density SNP genotyping assay in the pig using SNPs identified and characterized by next generation sequencing technology. **PloS one**, v. 4, n. 8, p. e6524, 2009.

RESENDE, M. D.; SILVA, F.; LOPES, P.; AZEVEDO, C. **Seleção genômica ampla (GWS) via modelos mistos (REML/BLUP), inferência bayesiana (MCMC), regressão aleatória multivariada e estatística espacial**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa/Departamento de Estatística. 291 p. 2012.

SERENIUS, T. A. S., KJ. Selection for sow longevity. **Journal of Animal Science**, v. 84, n. 13 suppl, p. E166-E171, 2006.

SILVA, K.; BASTIAANSEN, J.; KNOL, E.; MERKS, J.; LOPES, P.; GUIMARÃES, S.; VAN ARENDONK, J. Meta-analysis of results from quantitative trait loci mapping studies on pig chromosome 4. **Animal Genetics**, v. 42, n. 3, p. 280-292, 2011.

SOLBERG, T. R.; SONESSON, A. K.; WOOLLIAMS, J. A.; ODEGARD, J.; MEUWISSEN, T. Persistence of accuracy of genome-wide breeding values over generations when including a polygenic effect. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, p. 53, 2009.

SOUSA, K. R. S., GUIMARÃES, S. E. F., FILHO, M. I. S., LOPES, M. S., GOMES, A. P. P., VERARDO, L. L., BRACCINI NETO, J., LOPES, P. S. Mapeamento de locos de características quantitativas nos cromossomos 5, 7 e 8 de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 115-123, 2011.

SU, G.; CHRISTENSEN, O. F.; OSTERSEN, T.; HENRYON, M.; LUND, M. S. Estimating additive and non-additive genetic variances and predicting genetic merits using genome-wide dense single nucleotide polymorphism markers. **PloS one**, v. 7, n. 9, p. e45293, 2012.

VITEZICA, Z. G., VARONA, L., LEGARRA, A. On the additive and dominant variance and covariance of individuals within the genomic selection scope. **Genetics**, v. 195, n. 4, p. 1223-1230, 2013.

WEI, M.; VAN DER WERF, J. Animal model estimation of additive and dominance variances in egg production traits of poultry. **Journal of Animal Science**, v. 71, n. 1, p. 57-65, 1993.

WITTENBURG, D.; MELZER, N.; REINSCH, N. Including non-additive genetic effects in Bayesian methods for the prediction of genetic values based on genome-wide markers. **BMC genetics**, v. 12, n. 1, p. 74, 2011.