

**PATRÍCIA TRISTÃO MENDONÇA**

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE  
UMA POPULAÇÃO F2 DE SUÍNOS**

Dissertação apresentada  
à Universidade Federal de Viçosa,  
como parte das Exigências do  
Programa de Pós-Graduação em  
Zootecnia, para obtenção do título  
de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2008

Patrícia Tristão Mendonça

## **Estimação de Parâmetros Genéticos de Uma População F2 de Suínos**

Dissertação apresentada à  
Universidade Federal de Viçosa, como  
parte das Exigências do Programa de  
Pós-graduação em Zootecnia para a  
obtenção do título de *Magister  
Scientiae*.

APROVADA: 28 de abril de 2008

---

Prof. Robledo de Almeida Torres  
(Co-orientador)

---

Prof. Ricardo Frederico Euclides

---

Prof. Antonio Policarpo Souza Carneiro

---

Prof. Fabyano Fonseca e Silva

---

Prof. Paulo Sávio Lopes  
(Orientador)

A minha mãe Marília por minha  
formação, pelo apoio, incentivo e pela compreensão.  
Em memória de meu pai Edilson.

## AGRADECIMENTOS

A DEUS, por estar presente em minha vida, por me dar forças, serenidade e confiança para sempre seguir a diante.

A minha Mãe e a toda minha família pelo apoio e por sempre acreditarem em mim

Ao meu amor, Bruno pelos momentos compartilhados.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Zootecnia por oportunizar a realização de mais esta etapa da minha vida.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

Ao meu orientador, Prof. Paulo Sávio Lopes, pela orientação, confiança, oportunidades, incentivo e ensinamentos.

Aos meus co-orientadores Prof. Robledo e Profa. Simone, pelas valiosas contribuições, ensinamentos partilhados; pelo apoio, incentivo e amizade.

Ao Prof. Ricardo Bajá, pela amizade, pelos aconselhamentos e pelo rico convívio.

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

Aos amigos Alex, André, Marcos, Gustavo, Rafael, Fabiana, Renata e Felipe pelo apoio à realização deste trabalho e pela fraterna convivência.

Aos meus colegas do Melhoramento Débora, Gilberto, Joãozinho, Katiene, Mariele, Mario, Rodrigo, Ana Paula, Priscila, Lidiane, Marcelo, Nicola, Fred, Jane, Kleibe, Cristina e Bruna pela amizade, pelos trabalhos que realizamos e pelos momentos de descontração, tão necessários nesta jornada.

Aos amigos Walnei, Marcos, Ana Paula, Loriza e Ana Cândida pela amizade e pelos momentos de alegria.

As minhas irmãs de coração Nívea e Loriza pelo apoio, dedicação e amizade.

Aos amigos de longa data pela amizade, pelo incentivo, pelo convívio e por todos os momentos que compartilhamos no decorrer desses anos.

## BIOGRAFIA

Patrícia Tristão Mendonça, filha de Edílson Furtado de Mendonça e Marília Margareth Castiglioni Borges Tristão Mendonça, natural de Viçosa, Estado de Minas Gerais, nasceu em 02 de julho de 1981.

Em maio de 2001, iniciou o curso de Zootecnia, pelo Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica, acompanhando e conduzindo pesquisas junto ao Programa de Melhoramento Genético de Suínos do Departamento de Zootecnia da UFV.

Em maio de 2004 foi agraciada com Prêmio ZOOTECA 2004/Serrana Nutrição Animal de Iniciação Científica, no ZOOTECA 2004 (VI Congresso Internacional de Zootecnia).

Em março de 2006, graduou-se em Zootecnia, pela Universidade Federal de Viçosa.

Em maio de 2006, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, na área de Melhoramento Genético Animal.

Em 28 de abril de 2008, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa.

# CONTEÚDO

RESUMO.....	vi
ABSTRACT .....	viii
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO.....	2
2.1 - Métodos de Estimação de Componentes de (Co)Variância.....	2
2.1.1 - Análise de variância (ANOVA).....	3
2.1.2 - Máxima Verossimilhança (ML) .....	5
2.1.3 - Máxima Verossimilhança Restrita (REML).....	5
2.2 - Delineamento experimental – F2 .....	6
2.3 - Estimação de Parâmetros Genéticos .....	8
2.3.1 - Herdabilidade.....	8
2.3.2 - Correlações entre Características.....	11
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	14
3.1. População de Estudo .....	14
3.2. Características Avaliadas .....	15
3.2.1. Características de Desempenho .....	15
3.2.2. Características de Carcaça e Cortes .....	15
3.2.3. Características de Qualidade da Carne.....	16
3.3. Estimação dos Componentes de (Co) Variância.....	17
3.4. Estimação dos Parâmetros Genéticos.....	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	21
4.1. Características de Desempenho.....	21
4.2. Características de Carcaça e cortes .....	25
4.3. Características de Qualidade da Carne.....	34
5. CONCLUSÕES .....	38
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	40
ANEXOS.....	49

## RESUMO

MENDONÇA, Patrícia Tristão, M.S.c., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2008. **Estimação de parâmetros genéticos de uma população F2 de suínos.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Co-orientadores: Robledo de Almeida Torres e Simone Eliza Facioni Guimarães.

Registros referentes a aproximadamente 620 animais de uma população F2 de suínos foram utilizados para estimar parâmetros genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Foram consideradas as seguintes características de desempenho, carcaça e qualidade da carne: pesos ao nascer (PN); aos 21 (P21); aos 42 (P42); aos 63 (P63) e aos 77 dias de idade (P77); ganho de peso médio diário (GPD) dos 77 aos 105 dias de idade, consumo de ração (CR) dos 77 aos 105 dias de idade e conversão alimentar (CA) dos 77 aos 105 dias de idade; idade ao abate (IDA); peso de abate (PA); rendimento de carcaça com pés e cabeça (RCARC); comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça (MBCC); comprimento de carcaça pelo Método Americano (MLC); maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar (SH); espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar (UC); espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar (UL); menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso lombar (LL); espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar (P2); área de olho de lombo (AOL); profundidade de lombo (PROFLOMB); espessura do bacon (EBACON); peso da banda direita resfriada (PBDIRres); peso do pernil (PP); peso do pernil sem pele e sem gordura (PPL); peso da copa (PCOPA); peso da copa sem pele e sem gordura (PCOPAL); peso da paleta (PPA); peso da paleta sem pele e sem gordura (PPAL); peso do carré (PC); peso do lombo (PL); peso do bacon (PB); peso das costelas (PCOS); peso da papada (PAPADA); peso do filezinho (PF) e peso da banha rama (PBR); pH medido aos 45 minutos e 24 horas post-mortem (pH45, pH24, respectivamente); maciez objetiva (MACIEZ); gordura intramuscular (GORINT); perda por gotejamento (GOTEJ); perda por cozimento (COZ); perda de peso total (PTOT); luminosidade (L); índice de vermelho (A); índice de amarelo (B), índice de saturação (C) e tonalidade (H). As herdabilidades para as características de desempenho (0,18 a 0,86) e carcaça (0,10 a 0,51) foram em sua maioria de moderadas a altas, indicando variabilidade genética de média a alta para estas características. As herdabilidades para as características de qualidade da carne foram de baixa a média (0,14 a 0,39) indicando menor variabilidade genética para estas características. Foi observada correlação genética entre CA

(dos 77 aos 105 dias de idade) e o GPD (dos 77 aos 105 dias de idade) de -0,91 indicando que estas características possuem genes em comum com efeito significativo atuando sobre elas. Foram observadas correlações genéticas do CR e as características GPD, PA, IDA e CA de 0,74, 0,54, -0,44 e -0,39, respectivamente, sugerindo que um mesmo gene ou grupo gênico podem estar afetando essas características. As características de capacidade de retenção de água: GOTEJ, COZ e PTOT possuem, em sua maioria, altas correlações genéticas com as características de cor: A, B, L e C. Obtiveram-se correlações genéticas negativas de média a alta magnitude, da maciez com as características de cor e capacidade de retenção de água. Observaram-se em sua maioria, correlações negativas entre o pH24 e pH45 e as características relacionadas com a capacidade de retenção de água e cor da carne. O rendimento de carcaça apresentou médias correlações genéticas positivas com a maioria das espessuras de toucinho e correlações genéticas negativas com a maioria das características de corte. A alta correlação genética entre os cortes mais nobres da carcaça, pernil e lombo sugere que um mesmo gene ou grupo gênico pode estar afetando essas características. As correlações genéticas de média a alta magnitude verificadas entre as diversas características estudadas indicam que estas possuem genes em comum, que atuam sobre elas, e que a identificação de um QTL em uma destas características indicaria que este poderia influenciar a outra.



## ABSTRACT

MENDONÇA, Patrícia Tristão, M.S.c., Universidade Federal de Viçosa, April, 2008. **Estimation of genetic parameters of a F2 population of swine.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-Advisers: Robledo de Almeida Torres and Simone Eliza Facioni Guimarães.

Approximately 620 animal records of a F2 population of swine were used to estimate genetic parameters by the method of *Restricted Maximum Likelihood* (REML). The following traits of performance, carcass and meat quality were considered: Birth weight (PN); weight respectively at 21(P21), 42 (P42), 63 (P63), 77 (P77) and 105 days of age (P105); average daily gain from 77 to 105 days of age (GPD); feed intake from 77 to 105 days of age (CR) and feed-gain ratio from 77 to 105 days of age (CA); slaughter age (IDA); slaughter weight (PA); carcass yield including feet and head (RCARC); carcass length by the Brazilian carcass classification method (MBCC); carcass length by the American carcass classification method (MLC); Higher backfat thickness on the shoulder region (SH); midline backfat thickness immediately after the last rib (UC); midline backfat thickness between last and next to last but one lumbar vertebrae (UL); midline lower backfat thickness above the last lumbar vertebrae (LL); backfat thickness at last rib, 6,5 cm from the midline (P2); loin eye area (AOL); loin depth (PROFLOMB); bacon depth (EBACON); right half carcass weight (PBDIRes); total ham weight (PP); skinless and fatless ham weight (PPL); total boston shoulder weight (PCOPA), skinless and fatless boston shoulder weight (PCOPAL); total picnic shoulder weight (PPA); skinless and fatless picnic shoulder weight (PPAL); total (bone-in) loin weight (PC); boneless loin weight (PL); bacon weight (PB); rib weight (PCOS); total jaw weight (PAPADA); sirloin weight (PF); abdominal fat (PBR); pH 45 minutes after slaughter (pH45); pH 24 hours after slaughter (pH24); objective tenderness (MACIEZ); intramuscular fat (GORINT); drip loss (GOTEJ); cooking loss (COZ); total loss (PTOT); brightness (L); redness (A); yellowness (B); chroma (C) and hue angle (H). The heritabilities for performance traits (0,18 to 0,86) and carcass traits (0,10 to 0,51) were generally moderate to high, indicating moderate and high genetic variability for these traits. The heritabilities for meat quality traits were low to medium (0,14 to 0,39) indicating smaller genetic variability for these traits. Genetic correlation was observed between CA (from 77 to 105 days of age) and GPD (from 77 to 105 days of age) of - 0,91 indicating that these traits have genes in common with significant effect influencing them. Genetic correlations of the CR (from 77 to 105 days of age) were observed with the traits GPD, PA, IDA, and CA of

0,74, 0,54, -0,44 and -0,39, respectively, suggesting that the same gene or genic group can be affecting these traits. The traits of water capacity retention: GOTEJ, COZ and PTOT, indicate in their majority, high genetic correlations with the traits of color: A, B, L and C. Negative genetic correlations were obtained from medium to high magnitude, of the objective tenderness with the traits of color and capacity of water retention. Negative correlations between pH24 and pH45 and the traits related with the capacity of water retention and the meat color, were observed in their majority. The carcass yield including feet and head presented positive genetic correlations with most of the backfat thickness and negative genetic correlations with most of the cut traits. The high genetic correlation between the noblest cuts of the carcass, ham and loin, suggests that the same gene or genic group can be affecting these traits. The genetic correlations of medium to high magnitude presented by several studied traits indicate that they have genes in common, that influence them, and that the identification of a QTL in one of these traits would indicate that this one could influence another one.

# 1. INTRODUÇÃO

Até 1978, a carne mais consumida no mundo era a bovina. A partir de 1979, a carne suína passou a ocupar o primeiro lugar e vem se mantendo como a mais consumida principalmente em países como a China, União Européia, Estados Unidos e Japão. Entre 1998 e 2007 o consumo mundial aumentou de 79,345 para 100,794 milhões de toneladas anuais. Embora no Brasil ela seja menos consumida que a carne bovina e a de frango há uma tendência de aumento no seu consumo. Em 1998 consumia-se no país 9,9 kg/hab/ano, já no ano de 2007 a previsão do consumo per capita/ano foi de 12,9 Kg. (ANUALPEC 2007).

Isto é um indicativo do potencial de mercado que a carne suína tem, tanto para o mercado interno que tem muito a crescer para acompanhar a tendência mundial, quanto para atender o mercado externo.

O objetivo principal de criar suínos é a produção de carne para o consumo humano. Dois aspectos fundamentais determinam a relativa preferência do consumidor pela carne suína: a qualidade e o preço.

Na determinação final da qualidade e do preço da carne suína estão envolvidos os processos relacionados à produção, ao abate, ao processamento, ao acondicionamento da carne e à sua distribuição. Neste contexto, os programas modernos de melhoramento genético têm como objetivo principal disponibilizar uma matéria-prima que, desde a produção até a sua distribuição final, possa ser trabalhada no conceito de preço e qualidade. Ou seja, o cliente do programa genético já não é tão somente o suinocultor, mas também o processador, o distribuidor e o consumidor final. Em razão desta necessidade, os objetivos de seleção do melhoramento genético são muito mais complexos em relação ao passado, mesmo porque a percepção e o entendimento de preço e qualidade são bastante diferentes entre os vários segmentos de mercado existentes. Felizmente, os recursos disponíveis para o melhoramento genético estão em franca ascensão possibilitando, desta forma, que múltiplas necessidades do consumidor sejam atendidas.

Em programas de melhoramento genético de suínos, a escolha das características a serem avaliadas é um passo fundamental para se estabelecer estratégias na obtenção do ganho genético. O processo de avaliação deve levar em conta a importância econômica da característica, a variabilidade genética, a facilidade de mensuração e o impacto dessa característica na atividade econômica, bem como a associação existente entre as características mensuráveis.

As características de desempenho, carcaça e qualidade de carne são, em sua maioria, economicamente importantes na produção animal e apresentam herança quantitativa, ou seja, apresentam variação contínua e são governadas por vários genes. A seleção de indivíduos com base nessas características é relativamente difícil, em razão da complexidade de sua base genética e do elevado grau de influência do ambiente a que estão sujeitas. Além disso, essas características são relacionadas em magnitude e sentido variáveis, de forma que a seleção em uma provoca mudanças em outras, as quais, se não forem consideradas, podem levar a erros na avaliação dos indivíduos.

Entre os parâmetros genéticos, a herdabilidade ( $h^2$ ) e a correlação genética são as principais estimativas de interesse para o planejamento de um programa de melhoramento. Identificar e quantificar estes parâmetros para as características de interesse econômico é de fundamental importância para promover uma seleção mais eficiente.

A precisão dos estimadores de parâmetros genéticos é dependente de um conjunto de fatores, destacando-se o método de estimação. Há vários métodos para estimação de componentes genéticos e não-genéticos; todavia, o método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (*Restricted Maximum Likelihood*) é o mais usado atualmente. O REML baseia-se no princípio de maximização do produto da função de verossimilhança das observações, que considera a perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos.

O delineamento F2 obtido através do cruzamento entre raças geneticamente divergentes usadas para gerar desequilíbrio de ligação, oferecendo um delineamento ideal para detecção e mapeamento de QTL a partir da associação marcador/característica.

O objetivo deste trabalho foi estimar as herdabilidades e as correlações genéticas e fenotípicas para características de desempenho, carcaça e qualidade de uma população F2 de suínos, obtidos do cruzamento de machos da raça nativa brasileira Piau e fêmeas comerciais (Landrace x Large White x Pietrain), para fins de associação com mapeamento de QTL.

## **2. REVISÃO**

### ***2.1 - Métodos de Estimação de Componentes de (Co)Variância***

A seleção é o principal instrumento utilizado na escolha dos melhores animais, filhos de uma geração, que serão utilizados para reprodução. A sua eficiência, que está associada ao

progresso genético a ser obtido, baseia-se na utilização de métodos adequados de avaliação dos animais, os quais devem predizer, com acurácia, os verdadeiros valores genéticos dos animais.

Muitos dos problemas que ocorrem na aplicação de genética quantitativa ou em melhoramento animal são de estimação. Por exemplo, na predição do valor genético dos animais e na avaliação das propriedades genéticas das populações, que se baseiam nos parâmetros genéticos, é necessário o conhecimento prévio dos componentes de variância e covariância, os quais podem ser estimados por vários métodos.

### ***2.1.1 - Análise de variância (ANOVA)***

A estimação de componentes de variância em modelos com dados balanceados é o caso mais simples e de onde deriva boa parte da metodologia para dados desbalanceados. O método dos momentos (ANOVA) constitui-se em igualarem-se as formas quadráticas a suas respectivas esperanças, obtendo-se assim um conjunto de equações que permite a estimação (BARBIN, 1993).

Este método foi descrito inicialmente por YATES (1934), como a técnica de ajustamento de constantes, denominada quadrados mínimos ou método dos momentos (ANOVA), desenvolvida para modelos com classificação cruzada e números desiguais nas subclasses, porém segundo TORRES JUNIOR (1996), foi HENDERSON (1953) quem deu um dos passos mais importantes no desenvolvimento e na aplicação de métodos de componentes de variância, que apresenta como característica básica o grande número de efeitos no modelo, fixos e aleatórios, e o grau elevado de desbalanceamento. HENDERSON (1953) apresentou três métodos para estimação dos componentes de variância, os quais são utilizados na obtenção dos parâmetros genéticos e fenotípicos da população.

Os três métodos de HENDERSON (1953) são também formas de aplicação do método dos momentos. Nestes métodos, as somas de quadrados associadas às várias fontes de variação das tabelas de análise de variância (ANOVA) são igualadas às suas esperanças, e as equações resultantes são resolvidas para os componentes de variância desconhecidos. Se o método é apropriado para o modelo, todos três métodos produzem estimativas não viesadas de translação invariante dos componentes de variância.

O método I consiste em igualar os quadrados médios às suas esperanças matemáticas e resolver o sistema de equações formado. Este método fornece estimativas não-viesadas, com

variância mínima dos componentes de variância, quando os dados são balanceados, ou quando o modelo é aleatório e os efeitos são não correlacionados.

Conforme SEARLE et al. (1992), esse método não pode ser usado para modelos mistos. Porém, pode ser adaptado a um modelo misto alterando o modelo e tratando os efeitos fixos como não existentes ou como aleatórios. Neste caso os estimadores dos componentes de variância dos verdadeiros efeitos aleatórios são não-viesados.

Como na maioria dos casos em melhoramento animal os modelos utilizados contêm efeitos fixos e aleatórios, os métodos II e III de HENDERSON (1953) devem ser usados (SILVA 1980).

No método II, uma análise preliminar é feita para estimativas dos efeitos fixos do modelo pelo método dos quadrados mínimos, que consiste em estimar os efeitos fixos em um modelo que ignora os efeitos aleatórios. Os dados ajustados com o uso destas estimativas são representados por um modelo aleatório, e então se aplica o método I, para obtenção das estimativas dos componentes de variância. Este método não pode ser usado em modelos que contenham interações de efeitos fixos e aleatórios, ou efeitos aleatórios aninhados em efeitos fixos.

O método III utiliza o ajustamento de constantes, de Yates, em que a soma de quadrados, obtida para cada fator, é calculada pela diferença entre as somas de quadrados, obtidas pelo ajustamento de um modelo completo, e de um submodelo que exclui aquele fator. Após a obtenção das somas de quadrados, são calculados os quadrados médios, que, igualados às suas esperanças matemáticas, fornecem as estimativas de componentes de variância. Este método é apropriado para modelos mistos e suas estimativas são não-viesadas.

Porém, segundo SORENSEN e KENNEDY (1984a), quando mudanças nas frequências gênicas ocorrem, quer ao acaso em pequenas populações ou em grandes populações em função da seleção, o método III, de Henderson, produz estimativas viesadas de componentes de variância, e para que as estimativas sejam não-viesadas exige que as populações em estudo estejam em Equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Segundo ROTHSCHILD et al. (1979), estes métodos propostos por Henderson pressupõem que nenhuma alteração na média dos valores genéticos esteja ocorrendo, o que não é verdade para a maioria dos conjuntos de dados empregados, já que eles são oriundos de programas de melhoramento.

### **2.1.2 - Máxima Verossimilhança (ML)**

Em virtude das limitações dos métodos de Henderson, HARTLEY e RAO (1967) derivaram o método da Máxima Verossimilhança (ML) para estimação de componentes de variância; que consiste basicamente em maximizar a função densidade de probabilidade das observações, em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância dos efeitos aleatórios do modelo. Este método é iterativo, fornece estimativas não-negativas dos componentes de variância e elimina o “viés” atribuído às mudanças nas frequências gênicas resultantes da seleção, se o parentesco entre indivíduos for considerado. Contudo, os estimadores do método ML são viesados, porque o método não considera a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo (ANDERSON, 1984).

A estimação por meio do método ML requer a inversa da matriz da parte de efeitos aleatórios das equações de modelos mistos, e isto pode ser computacionalmente difícil, ou aproximadamente impossível, para esquemas complexos que envolvem vários fatores aleatórios com números elevados de níveis. Outra limitação do ML é de que a normalidade é requerida para que os estimadores tenham a propriedade de máxima verossimilhança (KENNEDY, 1981).

### **2.1.3 - Máxima Verossimilhança Restrita (REML)**

Uma modificação da Máxima Verossimilhança (ML), mais tarde chamada de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), foi desenvolvida por PATTERSON e THOMPSON (1971), para corrigir a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo.

No REML a função de verossimilhança é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra aos aleatórios, de maneira que a função densidade de probabilidade das observações é dada pela soma das funções densidade de probabilidade de cada parte. A maximização da função densidade de probabilidade da parte referente aos efeitos aleatórios, em relação aos componentes de variância, elimina o viés resultante da perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos do modelo.

De acordo com MEYER (1986), o REML é o método preferido para estimação de parâmetros genéticos dos dados de melhoramento animal, pois, além de considerar a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos, as estimativas estão sempre dentro do espaço paramétrico.

Segundo LOPES et al. (1993), o processo de utilização do sistema de equações do REML, de forma iterativa, é denominado algoritmo EM (Maximização de Esperança) e implica o emprego de grande demanda computacional, quanto à memória e ao tempo de processamento. Com o objetivo de contornar esse problema, outro algoritmo foi proposto por GRASER et al. (1987) para uso na estimação de componentes de variância por meio do REML para análise de uma única característica. O algoritmo não requer inversão de matrizes, e o ponto de máximo do logaritmo da função densidade de probabilidade é determinado por meio de sucessivas avaliações da função. O algoritmo foi denominado DFREML (Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood), pois não envolve a derivação da função densidade de probabilidade, em relação aos componentes de variância, para o estabelecimento do sistema de equações a ser utilizado no processo iterativo (LOPES et al., 1993)

BOLDMAN et al. (1995) propuseram um conjunto de programas para estimar os componentes de variâncias e covariâncias, utilizando-se DFREML, denominado MTDFREML (Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood).

O MTDFREML é composto por três programas, todos desenvolvidos em linguagem FORTRAN 77:

- Programa principal, MTDFNRM - para cálculo de  $A^{-1}$  (matriz de parentesco) e recodificação para número do animal, pai e mãe (ou pai, avô paterno e avô materno).
- Programa MTDFPREP - processa o arquivo de *pedigree*, recodifica os animais e níveis de efeitos fixos e fatores aleatórios.
- Programa MTDFRUN - utiliza os dados preparados pelos programas anteriores e calcula componentes de (co)variância pelo máximo do logaritmo da função de verossimilhança, com um algoritmo DFREML e obtém soluções para as Equações de Modelos Mistos.

O MTDFREML também pode ser utilizado para analisar dados com o modelo de reprodutor ou modelos em que não há informação de parentesco entre indivíduos e para análises uni ou multicaracterísticas. A solução para efeitos fixos e valores genéticos, variância amostral das soluções, contrastes e esperanças das soluções também podem ser obtidas.

## ***2.2 - Delineamento experimental – F2***

O delineamento F2 é obtido através do cruzamento entre raças geneticamente divergentes usadas para gerar desequilíbrio de ligação.



Cruzamentos entre linhas ou raças completamente puras e divergentes oferecem um delineamento ideal para detecção e mapeamento de QTLs a partir da associação marcador/característica, porque todos os F1 são geneticamente idênticos e apresentam completo desequilíbrio de ligação para os genes (LYNCH e WALSH, 1998). No entanto, quando se trabalha com espécies animais, não se obtém linhas completamente puras, e sim linhas ou raças geneticamente divergentes, nas quais também se espera um alto grau de desequilíbrio na geração F1.

Segundo GUIMARÃES e LOPES (2000), em suínos, os projetos de mapeamento genômico têm utilizado cruzamento entre raças comerciais e raças nativas ou selvagens.

Segundo LIU (1998), o delineamento dos acasalamentos em genética de populações e quantitativa é desenvolvido de modo a simplificar o fracionamento e interpretação dos componentes de variância genética. O propósito do delineamento da população no mapeamento é também esclarecer a interpretação genética e análise de dados genômicos. As observações básicas para o levantamento de dados genômicos são o genótipo do marcador genético, “fingerprint” de um indivíduo (genótipo ou um clone), seqüência de um segmento de DNA, valor da característica, conhecimento do genótipo etc. As conclusões básicas da análise genômica são usualmente a ligação e localização física de genes de interesse e relacionamento entre genes e características.

O delineamento de F2 consiste no cruzamento de duas linhagens ou raças parentais, geneticamente divergentes, onde se espera que grande parte dos alelos esteja fixada ou próxima à fixação. Deste cruzamento é obtida a geração F1, onde se esperam indivíduos altamente heterozigotos, e, através do intercruzamento de indivíduos F1, obtém-se a geração F2.

ANDERSSON et al. (1998) apresentam algumas vantagens quando se utiliza cruzamento entre populações divergentes:

- os alelos de grande efeito devem estar segregando;
- aumento do poder nas análises estatísticas devido a alta heterozigosidade dos QTLs;
- aumento do poder nas análises estatísticas uma vez que a fase de ligação entre marcadores e QTLs são esperadas serem consistentes entre os animais F1; e
- a alta heterozigosidade reduz o número de locos marcadores necessários para compreensiva cobertura do genoma.

## **2.3 - Estimação de Parâmetros Genéticos**

O sucesso de um programa de melhoramento genético depende, em sua elaboração, do conhecimento de estimativas precisas e confiáveis dos parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais da população a ser melhorada. Dentre estes parâmetros genéticos, a herdabilidade ( $h^2$ ) e a correlação genética são as principais estimativas de interesse para o planejamento de um programa de melhoramento.

### **2.3.1 - Herdabilidade**

No tocante ao melhoramento genético, a herdabilidade de um caráter métrico é uma de suas propriedades mais importantes. A herdabilidade é representada por  $h^2$  e expressa a proporção da variância total que é atribuível aos efeitos médios dos genes, ou seja, à variância genética aditiva. No estudo de características quantitativas, a principal função da herdabilidade é seu caráter preditivo, ou seja, ela expressa o grau de confiança do valor fenotípico como indicador do valor genético. Em outras palavras, a herdabilidade mede o grau de correspondência entre fenótipo e valor genético. (FALCONER, 1987).

Quando a herdabilidade é baixa, significa que grande parte da variação da característica é devida às diferenças de ambiente entre os indivíduos ou que a correlação entre genótipo e o fenótipo é pequena; quando alta, significa que diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis, em grande parte, pela variação na característica, ou que a correlação entre o genótipo e o fenótipo é alta e, portanto, a observação do fenótipo constitui indicação segura do valor genético do indivíduo. A herdabilidade pode variar de 0,0 a 1,00 ou de 0% a 100%. Quando a herdabilidade for de 0,0 a 0,20; é considerada baixa; de 0,20 a 0,40; média; e acima de 0,40; alta. (LOPES, 2005).

Na literatura, observam-se variações nas estimativas da herdabilidade para uma mesma característica, porque diferentes métodos são utilizados na estimação desse parâmetro e, principalmente, porque a herdabilidade é uma propriedade não apenas da característica, mas também da população e das circunstâncias ambientais a que os indivíduos são submetidos. Tendo em vista que o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância, uma mudança em qualquer dos componentes poderá afetá-la. (FALCONER, 1987).

Considerando-se os fatores que provocam oscilações consideráveis nos valores das estimativas de herdabilidade, diferentes valores são encontrados na literatura para as características de desempenho, carcaça e qualidade de carne em suínos.

### ***Características de Desempenho***

Estimativas de herdabilidade para ganho de peso diário em suínos, de 0,16 a 0,40, foram encontradas por LO et al. (1992), FERRAZ e JOHNSON (1993), BRYNER et al. (1992) e SILVA et al. (1992). LOPES (1994) encontraram herdabilidade para ganho de peso diário de 0,43. PITA et al. (2000) encontraram estimativas de 0,26 a 0,45. COSTA et al. (1999) ao avaliarem características de desempenho em suínos das raças Large White, Landrace e Duroc e encontraram estimativas de herdabilidade para ganho médio diário de 0,9, 0,30 e 0,39 para cada uma das raças respectivamente. Entretanto, autores como KENNEDY (1984) e KEELE et al. (1991) relataram valores mais baixos de herdabilidade, 0,06 e 0,16 respectivamente.

Ao trabalharem com ganho de peso médio diário, HICKS et al. (1998) encontraram herdabilidade de 0,32; LARZUL et al. (1997), de 0,37 e WIJK et al. (2005), de 0,22.

TORRES JR et al. (1998), ao trabalharem com conversão alimentar de suínos das raças Landrace e Large White encontraram estimativas de herdabilidade de 0,34 e 0,41, respectivamente, semelhantes às apresentadas por SILVA et al. (1992), 0,36 e 0,42, e ROSO et al. (1995), 0,34.

LI e KENNEDY (1994), JOHNSON et al. (1994), KENNEDY et al. (1985), DAVID et al. (1983), ROSO et al. (1995) e TORRES JR. et al. (1998), ao trabalharem com a característica idade, a certo peso, encontraram estimativas de 0,01 a 0,49. Para peso ajustado aos 70 dias, IRGANG et al. (1995) encontraram estimativas de herdabilidade de 0,59 e 0,68.

ROSO et al. (1995), ao trabalharem com as características idade de abate, conversão alimentar e ganho de peso médio diário apresentaram estimativas de herdabilidade com valores médios de 0,23, 0,34 e 0,35 respectivamente, as quais ficaram entre os limites citados por ROSO (1991) em revisão de vários trabalhos em que foram encontradas as seguintes amplitudes das estimativas de herdabilidade para as características idade de abate, conversão alimentar e ganho de peso médio diário, respectivamente: 0,13 a 0,70, 0,36; 0,12 a 0,88, 0,39; 0,11 a 0,78, 0,36.

### ***Características de Carcaça***

COSTA et al. (2001) avaliaram características de desempenho em suínos das raças Large White, Landrace e Duroc e encontraram estimativas de herdabilidade de 0,43; 0,34 e 0,50 para espessura de toucinho. Também ao trabalharem com espessura de toucinho foram

encontradas estimativas de 0,62 por LOPES (1994), 0,34 a 0,37 por TORRES JR (1996); 0,00 a 0,19 por PITA (2000). As estimativas apresentadas por KENNEDY et al. (1985), foram de 0,4 a 0,61, por ALMEIDA NETO et al. (1993), 0,48; por LI e KENNEDY (1994), 0,52; por ROSO et al. (1995), 0,17; por GINÈ et al. (2004) de 0,17 e por OLIVEIRA et al. (1997), 0,18 e 0,21.

As estimativas de herdabilidade para rendimento de carne variaram de 0,52 a 0,63 nos trabalhos de HOVENIER et al. (1992) e DE VRIES et al. (1994) e OLIVEIRA et al., (1997) de 0,55 e 0,56. No entanto outros autores ao trabalharem com rendimento de carcaça encontraram menores estimativas de herdabilidade, GINÈ et al. (2004) de 0,39 ; HICKS et al. (1998) de 0,43 e ALMEIDA NETO et al., (1993) de 0,19.

Em trabalho realizado por GINÈ et al. (2004), foram obtidos resultados de herdabilidades para o comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaças (MBCC) de 0,34, para Método Americano de Classificação de Carcaças de 0,19 e para espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar (P2) de 0,16 menor que as apresentadas por ALMEIDA NETO et al. (1993) de 0,30 e OLIVEIRA et al. (1997) de 0,33 e 0,35.

Para o peso do pernil foram encontradas estimativas de herdabilidades por WIJK et al. (2005) de 0,39 próxima a apresentada por OLIVEIRA et al. (1997) de 0,49. Também no trabalho de WIJK et al. (2005) foi encontrada herdabilidade de 0,51 para peso do lombo e 0,13 para profundidade de lombo.

### ***Características de Qualidade da carne***

As estimativas de herdabilidade de características tais como pH, cor da carne, capacidade de retenção de água e maciez da carne vão de baixas a moderadas, geralmente inferiores a 0,50, enquanto que as estimativas de herdabilidade da gordura intramuscular são altas, geralmente superiores a 0,50.

Estimativa de herdabilidade de 0,18 para luminosidade foi encontrada por WIJK et al. (2005) próxima à encontrada por SUZUKI et al. (2005) de 0,16. Para índice de vermelho também no trabalho de WIJK et al. (2005) foi encontrada herdabilidade de 0,21 menor que no intervalo de 0,54 a 0,57 encontrado por SONESSON et al. (1998) e ANDERSEN e PEDERSEN (2001). Ainda no trabalho de WIJK (2006) estimativas de herdabilidades de 0,12 foi encontrada para índice de amarelo.

Para índice de saturação WIJK et al., 2005, encontraram herdabilidades de 0,22 e 0,28 e SCHINCKEL (2001), de 0,22.

Estimativa de herdabilidade para pH24 horas *post-mortem* de 0,11 foi encontrada por WIJK et al. (2005), próxima às estimativas de 0,13 a 0,20 publicadas por CAMERON et al.(1990), LO et al. (1992), DE VRIES et al. (1994), LARZUL et al. (1997), HERMESCH et al. (2000a) e ANDERSEN e PEDERSEN (2000); de 0,07 por SUZUKI et al. (2005), 0,19 por SCHINCKEL (2001) e menores que a apresentada por MABRY et al.(1998) de 0,38.

Estimativas de herdabilidade para perda por gotejamento de 0,08 foram encontradas por WIJK et al. (2005), por SCHINCKEL (2001) de 0,10 e SUZUKI et al. (2005) de 0,14 e valores entre 0,08 e 0,30 foram encontrados por HOVENIER et al., 1993; DE VRIES et al., 1994; SONESSON et al., 1998; HERMESCH et al., 2000a. Para perda por cozimento foram encontradas estimativas de 0,08 por SCHINCKEL 2001 e de 0,09 por SUZUKI et al., 2005.

Para maciez foram encontradas estimativas de 0,2 (WIJK et al., 2005); 0,26 (SCHINCKEL 2001); 0,45 (SUZUKI et al., 2005), enquanto para gordura intramuscular foram encontradas estimativas de 0,39 (SUZUKI et al., 2005); 0,44 (SCHINCKEL, 2001) e 0,47 (MABRY et al. 1998).

LARZUL et al. (1997) ao trabalharem com pH medido 30 minutos após o abate encontraram estimativas de herdabilidade de 0,32 e SCHINCKEL (2001) ao trabalhar com pH medido 1 hora após o abate, encontrou herdabilidade de 0,19.

### ***2.3.2 - Correlações entre Características***

A correlação genética entre duas características é, segundo PIRCHNER (1983), a correlação entre efeitos dos genes que a influenciam. FALCONER (1987) definiu-a como correlação entre os valores genéticos de um indivíduo, para as características consideradas. De acordo com FALCONER (1987) a causa de correlações genéticas é principalmente, pleiotropismo, embora ligações gênicas sejam uma causa de correlação transitória. Pleiotropismo é a propriedade pela qual um gene afeta duas ou mais características, de modo que se o gene estiver segregando, causará variação simultânea nas características que ele afeta. Alguns genes podem aumentar ambas as características enquanto outros aumentam uma e reduzem a outra, sendo que os primeiros tendem a causar correlação positiva, e os outros correlação negativa.

A correlação fenotípica é uma associação que pode ser observada diretamente entre duas características, resultante dos efeitos combinados do genótipo e do meio ambiente.

O ambiente é uma causa de correlação, pela qual duas características são influenciadas pelas mesmas diferenças de condições de ambiente. A correlação resultante de causas de ambiente é o efeito total de todos os fatores variáveis de ambiente.

As estimativas das correlações variam de -1,0 a 1,0. O sinal positivo ou negativo indica se as características correlacionadas foram influenciadas geneticamente ou pelo ambiente, no mesmo sentido ou em sentido contrário, respectivamente.

A associação entre características de interesse econômico assume importância fundamental no melhoramento genético, principalmente no estudo das respostas correlacionadas, que são alterações provocadas em algumas características pela mudança em outras. Essas respostas correlacionadas podem ser vantajosas ou não, e de magnitudes variadas.

### ***Características de Desempenho***

ROSO et al. (1995) ao trabalharem com características de desempenho e qualidade de carcaça encontraram correlações genéticas da idade ao abate e as características conversão alimentar e ganho de peso médio diário de 0,77 e -0,89 respectivamente e correlações genéticas entre conversão alimentar e ganho de peso médio diário de -0,82.

SILVA et al. (1992) encontraram para as raças Landrace e Large White, correlações genéticas positivas, de mediana a alta magnitude, entre idade ao abate e conversão alimentar de 0,89 e 0,38 para Landrace e Large White respectivamente; as estimativas entre ganho médio diário e conversão alimentar se mostraram de magnitude semelhante, porém negativas (-0,77 e -0,34).

Estimativas de correlações genéticas, entre peso aos 70 dias de idade e ganho de peso médio diário de 0,46, 0,08 e -0,47 foram encontradas por COSTA et al. (1999) para as raças Large White, Landrace e Duroc, respectivamente.

### ***Características de Carcaça***

No trabalho de WIJK et al. (2005) foram apresentadas correlações genéticas entre espessura de toucinho e as características peso do lombo limpo (sem osso, sem pele e sem gordura) e peso do pernil limpo de -0,60 e -0,86, respectivamente, e ainda, correlação genética entre peso do lombo limpo e peso do pernil limpo de 0,74.

ROSO et al. (1995) encontraram correlação genética entre rendimento de pernil e as espessuras de toucinho de -0,14 a -0,30, ALMEIDA NETO et al. (1993) encontraram

correlações genéticas entre o rendimento de pernil e as espessuras de toucinho oscilando de -0,5 a 0,059.

OLIVEIRA (1997) ao trabalhar com aspectos físicos da carcaça encontrou correlações genéticas entre a espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar e as características área de olho de lombo, peso do pernil e rendimento de carcaça de -0,37 e -0,88; -0,95 e -1,00; -0,34 e -0,98 respectivamente. ALMEIDA NETO et al. (1993) ao trabalharem com a mesma característica encontraram correlações genéticas entre espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar e rendimento de carcaça, área de olho de lombo e peso do pernil de 0,407, -0,007 e -0,5, respectivamente.

ROSO et al. (1995) ao trabalharem com características de carcaça de suínos encontraram correlações genéticas entre o comprimento de carcaça e as diferentes mensurações da espessura de toucinho oscilando de -0,17 a -0,40. HICKS et al. (1998) encontraram estimativas de correlação genética entre o comprimento de carcaça e as diferentes mensurações da espessura de toucinho variando de -0,03 a -0,28. Ainda no trabalho de ROSO et al. (1995) foram verificadas correlações genéticas negativas entre a idade de abate e espessuras de toucinho, as quais oscilaram de -0,17 a -0,44.

### *Características de Qualidade da Carne*

WIJK et al. (2005) estimaram correlações genéticas de características de qualidade da carne em suínos, as quais estão apresentadas no quadro abaixo:

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>GOTEJ</i>	<i>pH24</i>	<i>Maciez</i>
<b>L</b>	-0,17	0,89	-0,18	0,81	-0,6	-0,21
<b>A</b>		0,21	0,77	-0,13	-0,03	0,32
<b>B</b>			0,16	0,74	-0,46	0,02
<b>C</b>				-0,85	0,8	0,61
<b>GOTEJ</b>					-0,86	-0,6
<b>pH24</b>						0,79

L= luminosidade, A = índice de vermelho, B = índice de amarelo, C = índice de saturação, GOTEJ = perda por gotejamento e pH24 = pH medido 24 horas post – mortem, Maciez = escala de firmeza do NPPC 2000

Correlações genéticas entre perda por cozimento e pH medido 24 horas post-mortem, gordura intramuscular de -0,45 e -0,02 e pH medido 24 horas post-mortem e gordura intramuscular de 0,00 foram encontradas por MABRY et al. (1998).

SCHINCKEL, (2001) encontrou correlações genéticas entre pH medido 24 horas post-mortem e perda por gotejamento, saturação, gordura intramuscular e luminosidade de -0,71, -0,62, -0,2 e -0,8, respectivamente, entre perda por gotejamento e saturação, gordura intramuscular de -0,41 e -0,21, entre saturação e luminosidade de -0,99 e entre gordura intramuscular e luminosidade de 0,02.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### ***3.1. População de Estudo***

A formação das famílias e obtenção dos dados fenotípicos foram realizadas na granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG, Brasil, no período de novembro de 1998 a julho de 2001.

Foram construídas duas famílias provenientes do cruzamento de dois varrões da raça nativa Piau com 18 fêmeas originadas de linhagem desenvolvida na UFV pelo acasalamento de animais das raças Landrace x Large White x Pietrain, selecionados para características de carcaça e desempenho. A geração F1 nasceu entre os meses de março e maio de 1999, e era composta por 106 fêmeas e 134 machos. Dentre os machos F1 foram selecionados ao acaso 11 varrões, provenientes de diferentes leitegadas, que foram acasalados (monta natural) com 54 fêmeas. Estes animais foram acasalados entre os meses de março a junho de 2000, para a produção da geração F2 nascida entre junho de 2000 e fevereiro de 2001. Assim, foram obtidos aproximadamente 620 animais F2, divididos em cinco lotes:

Lote 1 = animais nascidos entre 20/06/00 e 03/07/00;

Lote 2 = animais nascidos entre 03/08/00 e 23/08/00;

Lote 3 = animais nascidos entre 16/09/00 e 01/11/00;

Lote 4 = animais nascidos entre 30/11/00 e 25/12/00;

Lote 5 = animais nascidos entre 19/01/01 e 12/02/01.

Os animais tiveram o manejo padrão da Granja de Melhoramento de Suínos da UFV, sendo os machos castrados aos 10 dias de idade. Os animais foram desmamados aos 21 dias de idade e, dos 77 aos 105 dias de idade, mediu-se o consumo alimentar individual.



O abate dos animais foi realizado na própria granja quando o peso médio do lote atingia 65 ( $64,84 \pm 5,53$ ) kg de peso vivo ( $147,83 \pm 9,95$  dias de idade). Os animais permaneceram em jejum por cerca de 18 horas antes do abate, período em que tiveram pleno acesso à água fresca.

Após o período de jejum, os animais foram conduzidos à sala de abate e submetidos à insensibilização elétrica, posicionando-se os eletrodos do insensibilizador (Sulmaq, Modelo 7654) na porção dorsal do pescoço dos animais, aplicando-se uma voltagem de 300 volts, por cerca de 5 segundos. A sangria foi realizada imediatamente após a insensibilização, pela punção do coração por meio de inserção sob a axila esquerda do animal.

A seguir, os animais foram chamuscados e as cerdas manualmente raspadas com faca sob fluxo de água. As carcaças foram, então, suspensas pelas patas traseiras, eventradas, evisceradas, lavadas, serradas longitudinalmente, e pesadas. Foram retiradas, da última para a penúltima costela da meia-carcaça esquerda ainda quente, amostras do músculo *Longissimus dorsi*, a partir do qual foram obtidas as características de qualidade de carne. A meia-carcaça direita de cada animal foi resfriada em freezers horizontais a uma temperatura de 4°C, por 24 horas. Após este período, foi realizada a dissecação da carcaça para se obter os dados das características de cortes.

As análises para as características de qualidade de carne foram conduzidas no Laboratório de Carnes do Departamento de Tecnologia de Alimentos (DTA) da Universidade Federal de Viçosa.

### **3.2. Características Avaliadas**

#### **3.2.1. Características de Desempenho**

Foram avaliadas as seguintes características de desempenho: pesos ao nascer (PN), aos 21 (P21), aos 42 (P42), aos 63 (P63), aos 77 (P77) e aos 105 (P105) dias de idade; ganho de peso médio diário (GPD) dos 77 aos 105 dias de idade, consumo de ração (CR) dos 77 aos 105 dias de idade e conversão alimentar (CA) dos 77 aos 105 dias de idade; e idade ao abate (IDA).

#### **3.2.2. Características de Carcaça e Cortes**

As características em estudo foram divididas em dois grupos: carcaça e cortes, para facilitar a descrição e posterior discussão.

Desta forma, as seguintes características de carcaça foram avaliadas na geração F2: rendimento de carcaça com cabeça e pés (RCARC), comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC) e pelo método americano (MLC); espessura de toucinho nas posições SH (maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar), UC (espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar), UL (espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar), LP (menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar) e P2 (espessura de toucinho imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar).

Na meia-carcaça direita resfriada, na região da última costela, a partir de um corte transversal no carré, mediram-se: ETO (espessura de toucinho, a 6,5 cm da linha dorso-lombar, equivalente à P2) e PROFLOMB (profundidade de lombo, diâmetro do músculo *Longissimus dorsi* sobre uma reta traçada da coluna vertebral serrada até a posição onde foi medida a ETO). A área de olho de lombo (AOL) foi medida em triplicata, com auxílio de um planímetro, no decalque vegetal tomado da seção transversal do músculo *Longissimus dorsi*, na altura da última costela. Além de espessura do bacon (EBACON), medida imediatamente após a última costela, na altura da divisão carré-bacon.

A meia-carcaça direita foi resfriada a 4°C por 24 horas e, posteriormente, procedeu-se a sua dissecação para se obter os dados das características de cortes: peso total pernil (PP), peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (PPL), peso total da copa (PCOPA), peso da copa sem pele e sem capa de gordura (PCOPAL), peso total da paleta (PPA), peso da paleta sem pele e sem capa de gordura (PPAL), peso total do carré (PC), peso do lombo (PL), peso total do bacon (PB), peso das costelas (PCOS), peso total da papada (PAPADA), peso do filezinho (PF) e peso da banha rama (PBR).

### **3.2.3. Características de Qualidade da Carne**

Foram avaliadas as seguintes características de qualidade da carne suína: pH medido aos 45 minutos e 24 horas post-mortem (pH45, pH24, respectivamente); maciez objetiva (força de cisalhamento - MACIEZ); gordura intramuscular (GORINT); capacidade de retenção de água [perda por gotejamento (GOTEJ), perda por cozimento (COZ) e perda de peso total (PTOT)]; e coloração. A coloração foi determinada pelo sistema HUNTER LAB, sendo medidos a luminosidade (L), o índice de vermelho (A) e o índice de amarelo (B), em espectrofotômetro COLORQUEST II. Foram, então, calculados os índices de saturação [ $C = (A^2 + B^2)^{1/2}$ ] e de tonalidade ( $H = \arctang B/A$ ).

As metodologias empregadas na avaliação das características de qualidade da carne foram descritas por BENEVENUTO JUNIOR (2001).

Com base no trabalho de PIRES (2003), para ajuste dos dados, foram utilizadas as seguintes características e respectivas covariáveis:

- ✓ Característica peso ao nascer (PN) – tamanho de leitegada ao nascimento (TLN);
- ✓ Características P21, P42, P63 e P77 – tamanho de leitegada a desmama (TLD);
- ✓ Características CR, GPD e CA – peso aos 77 dias de idade (P77);
- ✓ Características de carcaça – peso da carcaça (PCARC);
- ✓ Características de cortes de carcaça – peso da banda direita resfriada (PBDIRes) e
- ✓ Características de qualidade da carne – idade ao abate (IDA).

### ***3.3. Estimação dos Componentes de (Co) Variância***

Os componentes de variância e covariância, necessários à estimação dos parâmetros genéticos para as características em estudo, foram obtidos utilizando o método da máxima verossimilhança restrita por meio do programa MTDFREML (“Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood”), descrito por BOLDMAN et al. (1995). O programa utiliza a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita livre de derivadas (DFREML).

Para obter as estimativas dos componentes de (co)variância, o programa utiliza um método livre de derivadas, o qual se baseia num processo de busca por meio de sucessivas avaliações do valor assumido pela função de verossimilhança. Esta busca é feita por meio do método Simplex para obter os valores dos componentes de (co)variância que minimizem o  $-2 \log_e L$  ( $L$  = função de verossimilhança), sendo estas estimativas de máxima verossimilhança.

Como critério de convergência utilizou-se a variância dos valores do simplex ( $-2 \log_e$  de verossimilhança), inferiores a  $10^{-9}$ . Cada análise foi reiniciada com diferentes valores iniciais, a fim de garantir que os valores dos componentes estimados correspondessem ao máximo absoluto da função de verossimilhança, na tentativa de evitar a convergência para máximos locais. Esse procedimento foi repetido até que as diferenças entre as estimativas dos componentes de (co)variância, obtidas nas duas últimas convergências fossem menores que  $10^{-4}$ .

As herdabilidades e as correlações foram obtidas a partir destes componentes de variância.

Foi utilizado o seguinte modelo:

$$y_{ij} = \mu + GC_i + b(C_{ij} - \bar{C}) + a_{ij} + e_{ij}$$

Em que:

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

$\mu$  = média geral;

$GC_i$  = efeito fixo do grupo contemporâneo i, formados pela combinação de sexo e lote;

$b$  = coeficiente de regressão linear da característica em função da covariável;

$C_{ij}$  = valor observado da covariável, do grupo contemporâneo i;

$\bar{C}$  = média da covariável;

$a_{ij}$  = efeito aleatório genético aditivo do animal j do grupo contemporâneo i;

$e_{ij}$  = erro aleatório associado a cada observação,  $e \sim N(0, \sigma_e^2)$

Em notação matricial:

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

Em que:

$y$  = vetor das observações;

$X$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;

$\beta$  = vetor de efeitos fixos (GC e covariáveis);

$Z$  = matriz de incidência de efeitos aleatórios;

$a$  = vetor de efeito aleatório de animal;

$e$  = vetor de efeito aleatório residual.

Para as análises unicaracterísticas, admitindo-se que  $a$  e  $e$  tenham distribuição normal com média zero e sejam não correlacionados, com matrizes de variâncias e covariâncias, respectivamente,  $G$  e  $R$  têm-se:

$$\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & \phi \\ \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

Em que:

$G = A\sigma_A^2$ , sendo:

$A$  = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos;

$\sigma_A^2$  = variância genética aditiva.

$R = I\sigma_e^2$  sendo:

$I$  = matriz identidade;

$\sigma_e^2$  = variância residual.

Para as análises bicaracterísticas, admitindo-se que  $y$  tenha distribuição normal multivariada, têm-se:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & GZ & R \\ ZG' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

Em que:

$$V = ZGZ' + R$$

As matrizes  $G$  e  $R$  são dadas por:

$$G = A \otimes G_0 = A \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{A1}^2 & \sigma_{A12} \\ \sigma_{A21} & \sigma_{A2}^2 \end{bmatrix}$$

$$R = I \otimes R_0 = I \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e12} \\ \sigma_{e21} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

Em que os subscritos 1 e 2 referem-se às características avaliadas;

$G_0$  = matriz de (co)variâncias genéticas aditivas entre as características;

$R_0$  = matriz de (co)variâncias residuais entre as características;

$A$  = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos;

$\phi$  = matriz de zeros;

I = matriz identidade;

$\otimes$  = operador produto direto; (Searle, 1971).

O = vetor nulo.

### 3.4. Estimação dos Parâmetros Genéticos

Para o cálculo das herdabilidades foram utilizados os componentes de variância obtidos dos modelos unicaracterísticas, sendo a herdabilidade obtida da seguinte maneira:

$$h = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_P^2} = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

Em que:

$\hat{\sigma}_A^2$  - Estimador da variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_P^2$  - Estimador da variância fenotípica;

$\hat{\sigma}_e^2$  - Estimador da variância de residual.

Para o cálculo das correlações entre as características foram utilizados os componentes de (co)variância obtidos do modelo para as análises bicaracterísticas, sendo as correlações obtidas da seguinte maneira:

### Correlação Genética ( $r_G$ )

$$r_G = \frac{\hat{\sigma}_{A(xx')}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{A(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{A(x')}^2}}$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{A(xx')}$  - Estimador da covariância genética aditiva entre as características x e x';

$\hat{\sigma}_{A(x)}^2$  e  $\hat{\sigma}_{A(x')}^2$  - Estimadores da variância genética aditiva das características x e x', respectivamente.

**Correlação Fenotípica ( $\hat{r}_P$ )**

$$r_P = \frac{\hat{\sigma}_{P(xx')}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{P(x')}^2}} = \frac{\hat{\sigma}_{A(xx')} + \hat{\sigma}_{e(xx')}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{A(x)}^2 + \hat{\sigma}_{e(x)}^2) \cdot (\hat{\sigma}_{A(x')}^2 + \hat{\sigma}_{e(x')}^2)}}$$

*Em que:*

$\hat{\sigma}_{P(xx')}$  - Estimador da covariância fenotípica entre as características x e x';

$\hat{\sigma}_{P(x)}^2$  e  $\hat{\sigma}_{P(x')}^2$  - Estimadores da variância fenotípica das características x e x', respectivamente;

$\hat{\sigma}_{e(xx')}$  - Estimador da covariância residual entre as características x e x';

$\hat{\sigma}_{e(x)}^2$  e  $\hat{\sigma}_{e(x')}^2$  - Estimadores da variância residual das características x e x', respectivamente.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Características de Desempenho

O número de observações, as médias, os desvios-padrão e os valores mínimos e máximos das características de desempenho são apresentados na Tabela 1. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas e fenotípicas entre as características de desempenho são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 1 - Número de observações, médias, desvios-padrão e os valores mínimos e máximos para as características de desempenho

<i>Característica</i>	<i>Unidade</i>	<i>Número de observações</i>	<i>Média</i>	<i>Desvio-padrão</i>	<i>Mínimo</i>	<i>Máximo</i>
PN	Kg	611	1,22	0,27	0,53	2,13
P21	Kg	567	4,94	1,08	2,15	8,69
P42	Kg	574	8,38	1,83	3,39	12,95
P63	Kg	584	16,34	3,32	8,22	26,53
P77	Kg	611	21,42	4,29	9,30	34,50
P105	Kg	589	36,47	6,31	17,59	55,00
CR	Kg	601	39,97	8,01	16,31	64,74
GPD	Kg	590	0,53	0,13	0,10	0,89
CA	Kg/Kg	585	2,79	0,07	1,53	6,71
PA	Kg	506	64,79	5,56	42,2	79,50
IDA	dias	519	147,75	10,12	116,00	180,00

PN = peso ao nascer; P21, P42, P63, P77 e P105 = peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade, respectivamente; PA = peso ao abate; GPD = ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias; CR = consumo de ração dos 77 aos 105 dias; CA = conversão alimentar dos 77 aos 105 dias e IDA = idade ao abate.

As estimativas de herdabilidade para os pesos estudados nas várias idades apresentaram valores altos, variando de 0,51 a 0,86, a exceção do peso ao abate em que a estimativa foi de 0,18. Estes valores, de modo geral, estão superiores aos valores observados na literatura para características de desempenho de raças puras, que variam de 0,01 a 0,49 (LI e KENNEDY, 1994, JOHNSON et al., 1994, KENNEDY et al., 1985, DAVID et al., 1983, ROSO et al., 1995 e TORRES JR. et al., 1998). Estas altas estimativas de herdabilidade indicam que há grandes diferenças genéticas entre os indivíduos.

Ressalta-se, no entanto, que se trata de população F2 (cruzamento de população comercial com animais da raça Piau que não passaram por um processo de seleção para características de desempenho, o que contribui para aumento da variância genética na população F2 e conseqüentemente uma maior herdabilidade para características de peso) e foi utilizado modelo aditivo nas análises. A utilização do modelo aditivo desconsiderando a dominância pode levar a uma superestimação na estimativa dos componentes de variância, pois o que se esperaria ser estimado para o componente da dominância é redistribuído entre os componentes aditivo e residual. (CUNHA, 2005).

As características de desempenho IDA, CA dos 77 aos 105 dias de idade e GPD dos 77 aos 105 dias de idade, apresentaram estimativas de herdabilidade de 0,25, 0,25 e 0,4



respectivamente. Valores estes semelhantes aos encontrados na literatura para raças puras por ROSO et al., (1995) para as três características, e ainda semelhantes aos resultados para GPD encontrados na literatura de 0,16 a 0,40 ( FERRAZ e JOHNSON ,1993; BRYNER et al., 1992 e SILVA et al., 1992) , de 0,26 a 0,45 (PITA et al., 2000; LOPES, 1994; HICKS et al., 1998; LARZUL et al., 1997); e também semelhantes aos encontrados para CA de 0,34 a 0,42 (TORRES JUNIOR et al., 1998; SILVA et al., 1992).

As estimativas de herdabilidades encontradas foram em sua maioria de moderadas a altas, o que significa que há alta variabilidade genética em relação às características de desempenho sendo o delineamento F2 eficiente em gerar variabilidade genética. Assim esta população geneticamente divergente oferece um delineamento ideal para detecção e mapeamento de locos de características quantitativas (QTLs-*quantitative trait loci*) a partir da associação marcador/característica, ou seja, associação dos QTLs as características quantitativas.

Foram encontrados altos valores de correlação genética positiva entre as características de pesos estudados nas várias idades, demonstrando que estas são controladas em parte pelo mesmo conjunto de genes e possivelmente a associação de um QTL a um desses pesos também estaria influenciando os demais. Já as correlações dos pesos nas várias idades (peso aos 21, 42, 63 dias de idade) com a idade de abate foram negativas e de magnitude elevada, sendo que maior peso nas várias idades resultaram na diminuição da idade ao abate. No entanto a correlação dos pesos as várias idades e o GPD dos 77 aos 105 dias, foram negativas e de baixa magnitude, sendo o ganho de peso calculado quando os animais passaram a receber alimentação individual. Assim, animais que ganharam mais peso até os 63 dias tiveram menor ganho a partir desse período e os animais que ganharam menos peso até os 63 dias, a partir desse período passaram a ganhar mais peso, indicando que houve um ganho compensatório a partir dos 77 dias de idade.

As correlações entre os pesos a certa idade e o ganho de peso médio diário foram negativas e de magnitude semelhante (-0,23; -0,29 e -0,39), e estão de acordo com as encontradas por COSTA et al. (1999) para a raça Duroc, de -0,47, entre peso aos 70 dias de idade e ganho de peso médio diário, porém divergem das encontradas pelo mesmo autor para as raças Large White, Landrace, que foram de 0,46, 0,08, respectivamente.

Tabela 2 - Estimativas de herdabilidade (diagonal) das análises unicaracterísticas e correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) das análises bicaracterísticas, entre as características de desempenho. .

	<i>P21</i>	<i>P42</i>	<i>P63</i>	<i>P77</i>	<i>P105</i>	<i>CR</i>	<i>GPD</i>	<i>CA</i>	<i>PA</i>	<i>IDA</i>
P21	<b>0,79</b>	0,85	0,81	0,77	0,57	-0,03	-0,39	NC	-0,16	-0,90
P42	0,79	<b>0,76</b>	0,90	0,87	0,68	-0,15	-0,29	0,27	0,01	-0,86
P63	0,74	0,85	<b>0,86</b>	0,9	0,88	-0,13	-0,23	-0,15	-0,14	-0,93
P77	0,69	0,81	0,9	<b>0,70</b>	NC	NC	NC	NC	-0,09	NC
P105	0,52	0,65	0,73	NC	<b>0,51</b>	0,94	NC	NC	0,27	NC
CR	-0,03	-0,06	-0,06	NC	0,77	<b>0,19</b>	0,74	-0,39	0,54	-0,44
GPD	-0,10	-0,05	-0,10	NC	NC	0,64	<b>0,40</b>	-0,91	0,61	-0,27
CA	NC	0,06	-0,01	NC	NC	-0,16	-0,55	<b>0,25</b>	-0,15	0,50
PA	0,11	0,16	0,15	0,21	0,37	0,22	0,36	-0,18	<b>0,18</b>	-0,21
IDA	-0,44	-0,48	-0,15	NC	NC	-0,30	-0,35	0,30	0,10	<b>0,25</b>

P21, P42, P63, P77 e P105 = peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade, respectivamente; PA - peso ao abate; GPD - ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias; CR - consumo de ração dos 77 aos 105 dias; CA - conversão alimentar dos 77 aos 105 dias e IDA - idade ao abate.

NC – características que não atingiram a convergência

Foi observada correlação genética entre CA (dos 77 aos 105 dias de idade) e o GPD (dos 77 aos 105 dias de idade) de -0,91 semelhante à encontrada por ROSO et al., (1995) em suínos da raça Duroc de -0,82 e por SILVA et al. (1992) de -0,77 para a raça Landrace. Esta alta correlação genética negativa demonstra que animais com maior ganho de peso possuem melhor conversão alimentar. Pode-se, assim, afirmar que as duas características possuem genes em comum com efeito significativo e que a identificação de um QTL em uma destas indicaria que este poderia afetar as demais. Todavia, PIRES (2003), ao trabalhar com mapeamento de locos de características quantitativas de suínos geneticamente divergentes no cromossomo 6, encontrou um QTL relacionado com o GPD, porém no mesmo estudo não foram encontrados QTLs em comum para GPD e CA.

Foram observadas correlações genéticas do consumo de ração e as características ganho de peso diário, peso de abate, idade de abate e conversão alimentar de 0,74, 0,54, -0,44 e -0,39, respectivamente, demonstrando que os animais que consumiram mais ração obtiveram um maior ganho de peso, um maior peso de abate e atingiram o peso de abate em menos tempo, tendo uma melhor eficiência, já que obtiveram melhor conversão alimentar. Estes resultados sugerem que um mesmo gene ou grupo gênico pode estar afetando essas características e a identificação de um QTL para uma dessas características também poderá estar atuando nas

outras, com exceção das características consumo de ração e conversão alimentar que tiveram uma menor magnitude da correlação genética.

Foram observadas correlações genéticas da idade ao abate e as características conversão alimentar e ganho de peso médio diário de 0,5 e -0,27 diferindo apenas em magnitude das apresentadas para as mesmas características por ROSO et al., (1995) de 0,77 e -0,89, para suínos da raça Duroc, respectivamente; no entanto, SILVA et al., (1992) encontraram correlações genéticas entre idade ao abate e conversão alimentar de 0,89 e 0,38 para as raças Landrace e Large White, respectivamente.

PIRES (2003), ao trabalhar com mapeamento de locos de características quantitativas de suínos geneticamente divergentes no cromossomo 6, encontrou um QTL relacionado com o CR e outro relacionado com IDA, sendo que este teve um pico de QTL coincidente com os encontrados pra GPD e CR. Estes resultados justificariam a existência de correlação positiva entre CR e GPD, e negativa entre estas e IDA, ou seja, maior CR levaria a maior GPD e, conseqüentemente, à redução na IDA.

As correlações fenotípicas entre todas as características tiveram em sua maioria, o mesmo sentido que as correlações genéticas, divergindo apenas em magnitude.

Não houve convergência para as estimativas tanto de herdabilidade como correlações genética e fenotípicas para o peso ao nascer.

#### ***4.2. Características de Carcaça e cortes***

O número de observações, as médias, os desvios-padrão e os valores mínimos e máximos das características de carcaça e cortes são apresentados nas Tabelas 3 e 4. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas e fenotípicas entre as características de carcaça e cortes são apresentadas nas Tabelas 5, 6 e 7.

As estimativas de herdabilidade encontradas para as características de carcaça (tabela 5), foram em sua maioria de média a alta. Estas estimativas de herdabilidade indicam que há grandes diferenças genéticas entre os indivíduos desta população.

Ressalta-se, no entanto, que se trata de população F2 (cruzamento de população comercial com animais da raça Piau que não passaram por um processo de seleção para características de carcaça, o que contribui para aumento da variância genética na população F2 e conseqüentemente uma maior herdabilidade para características de carcaça) e foi utilizado modelo aditivo nas análises. A utilização do modelo aditivo desconsiderando a dominância pode levar a uma superestimação na estimativa dos componentes de variância, pois o que se

esperaria ser estimado para o componente da dominância é redistribuído entre os componentes aditivo e residual. (CUNHA, 2005).

Tabela 3 - Número de observações, médias, desvios-padrão e os valores mínimos e máximos para as características de carcaça.

<i>Características</i>	<i>Unidade</i>	<i>Número de observações</i>	<i>Média</i>	<i>Desvio-padrão</i>	<i>Mínimo</i>	<i>Máximo</i>
RCARC	%	515	81,99	2,04	75,67	87,78
MBCC	cm	535	86,01	4,22	72,00	104,00
MLC	cm	530	71,67	3,29	59,00	85,00
SH	mm	535	40,43	5,47	27,00	56,00
UC	mm	537	19,84	4,82	5,00	36,00
UL	mm	535	28,51	5,95	14,00	49,00
LL	mm	468	44,99	2,05	32,62	49,87
P2	mm	536	16,86	3,79	8,00	32,00
ETO	mm	468	21,60	5,41	10,12	34,79
EBACON	mm	527	24,95	6,63	11,00	45,00
PROFLOMB	mm	484	43,88	4,95	28,79	64,94
AOL	cm <sup>2</sup>	483	26,40	3,99	14,53	39,70

RCARC = rendimento de carcaça com pés e cabeça; MBCC = comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC = comprimento de carcaça pelo Método Americano; SH = maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; UC = espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; UL = espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; LL = menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; P2 = espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar; ETO = espessura de toucinho a 6,5 cm da linha dorso-lombar; equivalente à P2; EBACON = espessura do bacon; PROFLOMB = profundidade de lombo; AOL = área de olho de lombo.

A estimativa de herdabilidade para rendimento de carcaça foi de 0,36 próxima à encontrada por GINÈ et al. (2004) de 0,39 e assemelha-se à encontrada por HICKS et al. (1998) de 0,43; porém, bem maior que a apresentada por ALMEIDA NETO et al. (1993), de 0,19; no entanto, menores que as encontradas por HOVENIER et al. (1992), DE VRIES et al. (1994) e OLIVEIRA et al. (1997), que oscilam de 0,52 a 0,63.

O valor de herdabilidade encontrado para MBCC de 0,25 foi próximo ao encontrado por GINÈ et al. (2004) e COLLAO SAENZ (1994); menores que os obtidos por ROSO et al. (1995) e HICKS et al., (1998); e maior que o encontrado por ALMEIDA NETO et al. (1993). Enquanto que, para MLC, a estimativa foi de 0,23; próxima à encontrada por GINÈ et al. (2004), de 0,19.

Tabela 4 - Número de observações, médias, desvios-padrão e os valores mínimos e máximos para as características de corte.

<i>Características</i>	<i>Unidade</i>	<i>Número de observações</i>	<i>Média</i>	<i>Desvio-padrão</i>	<i>Mínimo</i>	<i>Máximo</i>
PP	Kg	535	7,29	0,86	3,88	10,18
PPL	Kg	537	5,00	0,64	2,78	7,39
PCOPA	Kg	537	2,33	0,36	1,21	3,87
PCOPAL	Kg	537	1,68	0,27	0,75	2,67
PPA	Kg	537	4,87	0,64	2,56	7,07
PPAL	Kg	537	2,71	0,40	1,53	5,32
PC	Kg	536	3,48	0,53	1,74	5,88
PL	Kg	536	1,03	0,21	0,29	2,30
PB	Kg	536	2,68	0,481	0,65	4,31
PCOS	Kg	537	1,52	0,25	0,90	2,69
PAPADA	Kg	537	0,71	0,21	0,28	1,81
PF	Kg	537	0,22	0,04	0,11	0,36
PBR	Kg	537	0,46	0,17	0,13	1,23

PP = peso total do pernil; PPL = peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA = peso total da copa; PCOPAL = peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA = peso total da paleta; PPAL = peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC = peso total do carré; PL = peso do lombo; PB = peso total do bacon; PCOS = peso das costelas; PAPADA = peso total da papada; PF = peso do filezinho e PBR = peso da banha rama.

As estimativas de herdabilidade encontradas para as diferentes mensurações da espessura de toucinho oscilaram de 0,10 a 0,43; estando de acordo com as estimativas encontradas na literatura por COSTA et al. (2001), que apresentaram valores de 0,34 a 0,5; TORRES JR (1996), 0,34 a 0,37; KENNEDY et al. (1985), 0,4 a 0,61; LI e KENNEDY (1994), 0,52; LOPES (1994), 0,62; ALMEIDA NETO et al. (1993), 0,48; ROSO et al. (1995), 0,17, GINÈ et al. (2004), de 0,17 e PITA (2000), de 0,00 a 0,19. A estimativa de herdabilidade para P2 foi de 0,21 assemelhando-se aos resultados apresentados por OLIVEIRA et al. (1997), 0,33 e 0,35; ALMEIDA NETO et al. (1993), 0,3, porém, menor do que a apresentada por GINÈ et al. (2004), de 0,16. Para espessura do bacon a estimativa de herdabilidade foi de 0,25. Tais estimativas, consideradas em sua maioria, de médias a altas indicam a existência de variabilidade genética para estas características.

As estimativas de herdabilidade das características de corte estão apresentadas na tabela 6 (diagonal).

A estimativa de herdabilidade para o peso do pernil sem pele e sem gordura foi de 0,47, próxima às estimativas encontradas por WIJK et al. (2005), de 0,39, e OLIVEIRA et al. (1997) de 0,49. A estimativa para peso do lombo (0,23) foi menor que a apresentada por WIJK et al. (2005), de 0,51.

Para as demais características de corte, as estimativas de herdabilidade foram baixas, o que indica baixa variabilidade genética para estas características, a exceção das PPA, PPAL, PF e PBR que apresentaram médias herdabilidades.

Ressalta-se que as estimativas de herdabilidade encontradas neste trabalho foram obtidas para uma população F2 de suínos e os resultados encontrados na literatura são de populações de suínos de raça pura.

Tabela 5 - Estimativas de herdabilidade (diagonal) das análises unicaracterísticas, correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) das análises bicaracterísticas, para as características de carcaça.

	<i>PA</i>	<i>RCARC</i>	<i>MBCC</i>	<i>MLC</i>	<i>SH</i>	<i>UC</i>	<i>UL</i>	<i>L</i>	<i>P2</i>	<i>ETO</i>	<i>EBACON</i>
<i>RCARC</i>	x	<b>0,36</b>	-0,35	-0,51	0,38	-0,04	-0,17	-0,03	0,34	0,32	0,34
<i>MBCC</i>	0,09	-0,30	<b>0,25</b>	x	-0,45	-0,28	-0,45	0,40	-0,35	-0,19	-0,67
<i>MLC</i>	0,17	-0,33	x	<b>0,23</b>	-0,15	-0,02	-0,11	-0,16	-0,32	-0,10	x
<i>SH</i>	-0,10	0,15	-0,34	-0,34	<b>0,10</b>	0,76	0,87	-0,20	0,73	0,40	0,44
<i>UC</i>	0,06	0,18	-0,48	-0,48	0,47	<b>0,10</b>	0,79	-0,34	0,83	0,67	0,59
<i>UL</i>	0,06	0,14	-0,48	-0,42	0,52	0,65	<b>0,43</b>	0,19	0,59	0,45	0,62
<i>L</i>	x	-0,07	0,20	0,22	-0,08	-0,15	-0,06	<b>0,25</b>	-0,43	-0,40	0,11
<i>P2</i>	0,10	0,22	-0,47	-0,47	0,55	0,67	0,68	-0,17	<b>0,21</b>	0,97	0,94
<i>ETO</i>	0,06	0,16	-0,40	-0,42	0,45	0,58	0,60	-0,16	0,75	<b>0,19</b>	0,87
<i>EBACON</i>	0,07	0,17	-0,51	x	0,46	0,57	0,60	-0,16	0,70	0,63	<b>0,25</b>

*RCARC* = rendimento de carcaça com pés e cabeça; *MBCC* = comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; *MLC* = comprimento de carcaça pelo Método Americano; *SH* = maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; *UC* = espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; *UL* = espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; *L* = menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; *P2* = espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar; *ETO* = espessura de toucinho a 6,5 cm da linha dorso-lombar; equivalente à *P2*; *EBACON* = espessura do bacon; *PROFLOMB* = profundidade de lombo; *AOL* = área de olho de lombo.

NC – características que não atingiram a convergência

Tabela 6 - Estimativas de herdabilidade (diagonal) das análises unicaracterísticas, correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) das análises bicaracterísticas, para as características de corte.

	<i>PP</i>	<i>PPL</i>	<i>PCOPA</i>	<i>PCOPAL</i>	<i>PPA</i>	<i>PPAL</i>	<i>PC</i>	<i>PL</i>	<i>PB</i>	<i>PCOS</i>	<i>PAPADA</i>	<i>PF</i>	<i>PBR</i>
PP	<b>0,07</b>	0,65	-0,52	-0,23	-1,00	-0,05	-0,16	0,41	-0,86	-0,08	0,82	0,64	-0,25
PPL	0,52	<b>0,47</b>	0,45	0,87	0,21	0,77	-0,61	0,70	-0,36	0,83	-0,22	0,63	-0,72
PCOPA	-0,12	0,06	<b>0,10</b>	0,89	0,04	0,35	-0,29	0,76	NC	0,32	-0,02	-0,11	-0,50
PCOPAL	-0,004	0,30	0,78	<b>0,13</b>	0,06	0,70	-0,62	0,67	-0,85	0,83	0,30	0,06	-0,61
PPA	0,03	0,15	0,15	0,18	<b>0,26</b>	0,46	-0,25	NC	-0,25	-0,47	-0,94	0,23	-0,48
PPAL	0,19	0,55	0,14	0,32	0,48	<b>0,37</b>	-0,59	0,29	-0,68	0,84	-0,53	0,86	-0,47
PC	0,09	-0,10	-0,04	-0,03	-0,37	-0,27	<b>0,12</b>	-0,19	0,21	0,44	-0,12	-0,38	0,12
PL	0,23	0,52	0,12	0,25	NC	0,29	0,20	<b>0,23</b>	-0,97	NC	0,16	0,59	-0,76
PB	-0,21	-0,31	NC	-0,30	-0,22	-0,22	-0,04	-0,25	<b>0,10</b>	-0,16	-0,13	-0,70	0,99
PCOS	-0,14	0,20	-0,02	0,12	0,04	0,10	-0,12	NC	-0,17	<b>0,09</b>	0,39	0,43	-0,84
PAPADA	0,01	-0,03	-0,08	-0,11	-0,49	-0,24	-0,02	0,02	0,11	0,05	<b>0,13</b>	-0,53	0,20
PF	0,14	0,39	0,02	0,10	0,07	0,32	-0,08	0,30	-0,15	0,15	-0,06	<b>0,46</b>	-0,54
PBR	-0,14	-0,54	-0,11	-0,24	-0,34	-0,46	0,23	-0,32	0,41	-0,13	0,002	-0,20	<b>0,32</b>

PP = peso total do pernil; PPL = peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA = peso total da copa; PCOPAL = peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA = peso total da paleta; PPAL = peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC = peso total do carré; PL = peso do lombo; PB = peso total do bacon; PCOS = peso das costelas; PAPADA = peso total da papada; PF = peso do filezinho e PBR = peso da banha rama.

NC – características que não atingiram a convergência



Tabela 7 – Correlações genéticas (primeira linha) e fenotípicas (segunda linha) entre as características de carcaça e corte

	<i>PP</i>	<i>PPL</i>	<i>PCOPA</i>	<i>PCOPAL</i>	<i>PPA</i>	<i>PPAL</i>	<i>PC</i>	<i>PL</i>	<i>PB</i>	<i>PCOS</i>	<i>PAPADA</i>	<i>PF</i>	<i>PBR</i>
RCARC	-0,22	-0,17	-0,24	-0,31	0,46	NC	-0,1	-0,5	-0,03	0,04	0,24	-0,27	-0,36
	0,01	-0,1	0,06	-0,007	-0,09	NC	0,16	0,04	-0,24	-0,11	0,09	-0,02	0,1
MBCC	-0,96	0,07	-0,31	0,32	-0,23	0,53	0,43	-0,18	0,72	0,47	-0,26	0,06	-0,07
	-0,08	0,26	0,16	0,28	0,25	0,36	-0,13	0,09	-0,19	0,15	-0,02	0,02	-0,44
MLC	-0,73	0,02	-0,08	0,29	-0,32	0,41	0,48	0,04	0,55	0,44	-0,22	0,32	-0,06
	-0,11	0,2	0,13	0,24	0,25	0,35	-0,19	0,11	-0,16	0,12	-0,01	0,03	-0,46
SH	NC	-0,35	0,25	-0,11	-0,43	-0,64	0,96	-0,06	-0,6	-0,01	0,13	-0,33	0,13
	NC	-0,36	-0,1	-0,22	-0,25	-0,39	0,34	-0,21	0,17	-0,11	-0,01	-0,2	0,42
UC	NC	-0,8	-0,43	-0,83	-0,03	-0,56	0,88	-0,11	-0,32	0,05	-0,27	-0,17	0,44
	NC	-0,45	-0,11	-0,25	-0,28	-0,43	0,35	-0,2	0,25	-0,08	-0,06	-0,08	0,55
UL	0,38	-0,69	0,16	-0,6	-0,46	-0,75	0,66	-0,38	-0,39	-0,91	0,24	-0,54	0,47
	-0,02	-0,54	-0,14	-0,32	-0,33	-0,51	0,32	-0,31	0,24	-0,19	0,03	-0,2	0,54
LL	0,5	0,3	0,51	0,19	-0,19	-0,07	-0,64	0,48	-0,03	-0,46	0,53	0,07	-0,22
	-0,05	0,08	0,05	0,04	0,06	0,006	-0,18	0,07	-0,12	0,04	0,06	-0,05	-0,2
P2	0,14	NC	-0,68	-0,79	-0,32	-0,72	0,91	-0,48	0,34	-0,71	0,07	-0,658	0,72
	-0,12	NC	-0,14	-0,32	0,3	-0,52	0,26	-0,42	0,31	-0,17	-0,01	-0,25	0,64
ETO	0,02	-0,72	-0,78	-0,87	0,74	-0,44	0,72	-0,58	0,42	-0,51	0,2	-0,56	0,71
	-0,15	-0,13	-0,13	-0,26	0,24	-0,45	0,2	-0,41	0,26	-0,14	-0,06	-0,23	0,61
EBACON	0,11	NC	-0,68	-0,96	-0,15	-0,76	0,34	NC	0,66	-0,74	0,22	-0,77	0,7
	-0,1	NC	-0,17	-0,34	-0,26	-0,48	0,29	NC	0,32	-0,23	0,01	-0,25	0,62

RCARC = rendimento de carcaça com pés e cabeça; MBCC = comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC = comprimento de carcaça pelo Método Americano; SH = maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; UC = espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; UL = espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; LL = menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; P2 = espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar; ETO = espessura de toucinho a 6,5 cm da linha dorso-lombar; equivalente à P2; EBACON = espessura do bacon; PP = peso total do pernil; PPL = peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA = peso total da copa; PCOPAL = peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA = peso total da paleta; PPAL = peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC = peso total do carré; PL = peso do lombo; PB = peso total do bacon; PCOS = peso das costelas; PAPADA = peso total da papada; PF = peso do filezinho e PBR = peso da banha rama.

NC – características que não atingiram a convergência

Nas correlações entre as características de carcaça (Tabela 5), foram observadas em sua maioria, correlações genéticas negativas do comprimento de carcaça tanto pelo método brasileiro de classificação de carcaça como pelo método americano de classificação de carcaça, com a maioria das características de carcaça, destacando-se as espessuras de toucinho. Estes resultados estão de acordo com ALMEIDA NETO et al. (1993), ROSO et al. (1995), e HICKS et al. (1998), que ao trabalharem com comprimento de carcaça também encontraram correlações genéticas negativas entre esta característica e as espessuras de toucinho estudadas em seus trabalhos. Assim, animais que tiveram um maior comprimento de carcaça também tiveram menor espessura de toucinho. PIRES (2003), ao trabalhar com mapeamento de locos de características quantitativas de suínos geneticamente divergentes no cromossomo 6, encontrou um QTL relacionado com o comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC), estes resultados sugerem, que este QTL pode estar influenciando também as espessuras de toucinho.

O rendimento de carcaça apresentou médias correlações genéticas positivas com a maioria das espessuras de toucinho, estando de acordo com ALMEIDA NETO et al. (1993), que observou correlações genéticas oscilando de -0,021 a 0,407 entre as espessuras de toucinho e o rendimento de carcaça e discordando de OLIVEIRA et al. (1997), que verificou altas correlações genéticas negativas entre o rendimento de carcaça e espessura de toucinho média e P2. Estes valores de correlações podem ser explicados pelo fato dos genes responsáveis pela expressão do rendimento da carcaça serem mais eficientes em deposição de gordura do que no crescimento de ossos e músculos.

As espessuras de toucinho apresentaram-se altamente correlacionadas entre si e com a espessura do bacon, destacando-se a P2, que apresentou correlações genéticas mais expressivas. Estes resultados sugerem que um mesmo gene ou grupo gênico pode estar afetando essas características e a identificação de um QTL em uma destas indicaria que este poderia afetar as demais.

Nas correlações entre características de corte (Tabela 6), observam-se altas correlações genéticas do peso do pernil e peso do pernil sem pele e sem gordura com o peso do lombo, de 0,41 e 0,70, respectivamente, o que está de acordo com os resultados obtidos por WIJK et al. (2005), que ao trabalharem com essas características, encontraram correlação genética entre peso do lombo sem pele e sem gordura e peso do pernil sem pele e sem gordura, de 0,74.

Também foi encontrada alta correlação genética do peso do pernil e o peso do pernil sem pele e sem gordura com o peso do filezinho de 0,64 e 0,63, respectivamente, e ainda correlação genética entre o peso o lombo e peso do filezinho, de 0,59. Estas altas correlações entre os cortes demonstram que estas características podem estar sendo influenciadas pelos mesmos genes, assim como mostra PIRES et al. (2006), que encontraram QTLs sugestivos para peso do pernil sem pele e sem capa de gordura, peso da paleta, peso do lombo e peso do filezinho.

Foram encontradas correlações genéticas negativas entre o peso do bacon e peso da banha rama com a maioria das características de corte.

Nas correlações entre as características de carcaça e corte (Tabela 7), foram encontradas em sua maioria correlações genéticas negativas entre as espessuras de toucinho e as características de corte, destacando-se o peso do pernil sem pele e sem gordura, peso do lombo e peso do filezinho, que está de acordo com os trabalhos de WIJK et al. (2005), que encontraram correlações genéticas entre espessura de toucinho e as características peso do lombo limpo (sem osso, sem pele e sem gordura) e peso do pernil limpo, de -0,60 e -0,86 respectivamente; ROSO et al. (1995) ao trabalharem com rendimento de pernil, encontraram correlações genéticas entre este e as espessuras de toucinho variando de -0,14 a -0,30; e ainda, no trabalho de ALMEIDA NETO et al. (1993), que encontraram correlações genéticas entre o rendimento de pernil e as espessuras de toucinho oscilando de -0,5 a 0,059. As correlações de média e alta magnitude entre estas características, indicam que estas possuem genes em comum atuando sobre elas.

As espessuras de toucinho apresentam correlação genética positiva, em sua maioria, com as características peso do bacon e peso da banha rama, destacando-se a P2 e ETO, assim como a espessura do bacon e as características peso do bacon e peso da banha rama, o que já era esperado, já que são características que expressam a quantidade de gordura da carcaça. Estes resultados indicam que estas características possuem genes ou um grupo de genes em comum atuando sobre elas e que a identificação de um QTL em uma destas indicaria que este poderia afetar as demais.

O rendimento de carcaça apresentou correlações genéticas negativas com a maioria das características de corte. Estes valores de correlações podem ser explicados pela possibilidade dos genes responsáveis pela expressão do rendimento da carcaça estarem sendo mais eficientes para deposição de gordura do que para crescimento de ossos e músculos. Ressalta-se, também, que se trata de população originada de

cruzamento de população comercial com animais da raça Piau que não passaram por um processo de seleção para características de desempenho e carcaça.

As correlações fenotípicas entre todas as características tiveram em sua maioria, o mesmo sentido que as correlações genéticas, divergindo apenas em magnitude.

É importante lembrar que as correlações encontradas neste trabalho foram obtidas para uma população F2 de suínos e os resultados encontrados na literatura são de populações de suínos de raças puras.

### 4.3. Características de Qualidade da Carne

O número de observações, as médias, os desvios-padrão e os valores mínimos e máximos das características de qualidade da carne são apresentados na Tabela 8. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas e fenotípicas entre as características de qualidade da carne são apresentadas na Tabela 9.

Tabela 8 - Número de observações, médias, desvios-padrão e os valores mínimos e máximos para as características de qualidade da carne.

<i>Característica</i>	<i>Unidade</i>	<i>Número de observações</i>	<i>Média</i>	<i>Desvio-padrão</i>	<i>Mínimo</i>	<i>Máximo</i>
pH45	pH	509	6,49	0,27	5,35	7,00
pH24	pH	514	5,71	0,15	5,40	6,66
GORINT	%	468	1,53	0,59	0,20	5,06
GOTEJ	%	515	3,22	1,71	1,08	8,93
COZ	%	508	32,62	2,51	24,24	39,64
PTOT	%	407	34,26	2,68	25,40	40,51
MACIEZ	Kg/cm <sup>2</sup>	402	5541,60	865,45	3293,20	7941,60
L	Absorb	459	45,03	1,96	32,62	49,87
A	Absorb	448	0,07	0,61	-0,68	2,89
B	Absorb	457	6,61	0,55	5,02	7,96
H	Absorb	400	84,02	5,61	62,06	94,95
C	Absorb	413	6,71	0,52	5,00	7,97

pH45 = pH 45 minutos após o abate; pH24 = pH 24 horas após o abate; GORINT = porcentagem de gordura intramuscular; GOTEJ = perda de peso por gotejamento; COZ = perda de peso por cozimento; PTOT = perda de peso total; MACIEZ = maciez objetiva (força de cisalhamento); L = luminosidade; A = índice de vermelho; B = índice de amarelo; H = tonalidade de cor; e C = índice de saturação.

A estimativa de herdabilidade para pH24 foi de 0,16 semelhante à encontrada por WIJK et al. (2005), de 0,11 e próxima às estimativas de 0,13 a 0,20 publicadas por

CAMERON et al. (1990), LO et al. (1992), DE VRIES et al. (1994), LARZUL et al. (1997) HERMESCH et al. (2000a) e ANDERSEN e PEDERSEN (2001); de 0,07 por SUZUKI K et al. (2005); de 0,19 por SCHINCKEL (2001). A estimativa de herdabilidade para pH45 foi de 0,14, que está próxima da estimativa encontrada por SCHINCKEL (2001), que ao trabalhar com pH medido 1 hora após o abate de 0,19, e menor que a encontrada por LARZUL et al. (1997), de 0,32, que trabalharam com pH medido 30 minutos após o abate.

As estimativas de herdabilidade para luminosidade (L), índice de vermelho (A) e índice de amarelo (B) foram de 0,27, 0,39 e 0,31, respectivamente, maiores que as apresentadas por WIJK et al. (2005) de 0,18; 0,21 e 0,15, ao trabalharem com raças puras, para as mesmas características respectivamente.

Para índice de saturação foi encontrada estimativa de herdabilidade de 0,3 correspondendo aos valores da literatura (WIJK et al., 2005; HOVENIER et al., 1993; NPPC, 1995; ANDERSEN e PEDERSEN, 2001).

Para perda por gotejamento e perda por cozimento foram encontradas estimativas de herdabilidade de 0,22 e 0,37 respectivamente, que estão de acordo com as estimativas encontradas na literatura para perda por gotejamento, entre 0,08 a 0,30 (HOVENIER et al., 1993; DE VRIES et al., 1994; SONESSON et al., 1998; HERMESCH et al., 2000<sup>a</sup>; WIJK et al., 2005; SCHINCKEL, 2001 e SUZUKI K et al., 2005) e bem maiores que as encontradas para perda por cozimento de 0,08 (SCHINCKEL, 2001) e 0,09 (SUZUKI et al., 2005).

Para maciez foi encontrada estimativa de herdabilidade de 0,32 próxima às apresentadas na literatura por WIJK et al., (2005), de 0,2; SCHINCKEL (2001), de 0,26 e SUZUKI et al., (2005), de 0,45.

A maior estimativa de herdabilidade encontrada para características de qualidade de carne, foi de 0,4 para perda total e não foram encontradas valores de herdabilidade para esta característica na literatura consultada.

Vale ressaltar que as estimativas de herdabilidade encontradas neste trabalho foram obtidas para uma população F2 de suínos e os resultados encontrados na literatura são de populações de suínos de raças puras.

Nota-se que as herdabilidades para as características de qualidade da carne são na maioria das vezes de baixa a média (0,14 a 0,40), indicando baixa a média variabilidade genética para essas características, sendo a maior proporção da variabilidade de natureza fenotípica.

As estimativas de baixa herdabilidade encontradas indicam que houve baixa variabilidade genética ou que os genes responsáveis pelas características de baixa herdabilidade não estão segregando nesta população. Já as estimativas de média herdabilidade indicam que há maior variabilidade genética tendo sido o delineamento F2 eficiente em gerar esta variabilidade.

Tabela 9 - Estimativas de herdabilidade (diagonal) das análises unicaracterísticas e correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) das análises bicaracterísticas, entre as características de qualidade da carne.

	<i>pH45</i>	<i>pH24</i>	<i>L</i>	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>GOTEJ</i>	<i>COZ</i>	<i>MACIEZ</i>	<i>PTOT</i>	<i>H</i>	<i>C</i>
<i>pH45</i>	<b>0,14</b>	NC	-0,47	-0,01	-0,60	NC	-0,62	0,17	-0,74	-0,12	-0,5
<i>pH24</i>	NC	<b>0,16</b>	-0,67	0,22	-0,55	-0,49	0,24	0,10	-0,27	-0,18	-0,37
<i>L</i>	-0,02	-0,25	<b>0,27</b>	0,23	0,44	0,82	0,06	-0,62	0,2	0,38	0,98
<i>A</i>	-0,06	0,03	-0,19	<b>0,39</b>	-0,05	0,41	0,63	-0,36	0,68	NC	0,03
<i>B</i>	-0,02	-0,31	0,71	-0,27	<b>0,31</b>	0,60	0,63	-0,59	0,42	0,24	NC
<i>GOTEJ</i>	NC	-0,20	0,18	-0,01	0,18	<b>0,22</b>	0,64	-0,3	0,83	-0,19	0,41
<i>COZ</i>	-0,16	0,04	0,09	0,09	0,24	0,29	<b>0,37</b>	-0,46	NC	-0,14	0,71
<i>MACIEZ</i>	0,23	0,17	-0,37	-0,09	-0,32	-0,34	-0,05	<b>0,32</b>	-0,27	0,31	-0,72
<i>PTOT</i>	-0,43	-0,08	0,22	0,07	0,24	0,68	NC	-0,15	<b>0,40</b>	-0,41	0,47
<i>H</i>	0,03	-0,06	0,41	NC	0,36	0,02	0,003	0,08	-0,04	<b>0,33</b>	0,19
<i>C</i>	0,01	-0,29	0,96	-0,12	NC	0,16	0,26	-0,35	0,24	0,21	<b>0,30</b>

*pH45* = pH 45 minutos após o abate; *pH24* = pH 24 horas após o abate; *GORINT* = porcentagem de gordura intramuscular; *GOTEJ* = perda de peso por gotejamento; *COZ* = perda de peso por cozimento; *PTOT* = perda de peso total; *MACIEZ* = maciez objetiva (força de cisalhamento); *L* = luminosidade; *A* = índice de vermelho; *B* = índice de amarelo; *H* = tonalidade de cor; e *C* = índice de saturação.

NC – características que não atingiram a convergência

Observa-se alta correlação entre perda por gotejamento e perda por cozimento (0,64) e perda por gotejamento e perda de peso total (0,83) visto que essas características estão relacionadas com a capacidade de retenção de água da carne e também por serem, uma utilizada no cálculo da outra ( $PTOT = GOTEJ + COZ$ ). Estes resultados indicam que as três características possuem genes em comum que atuam sobre elas e que a identificação de um QTL em uma destas indicaria que este poderia afetar as demais.

As características de capacidade de retenção de água: perda por gotejamento, perda por cozimento e perda de peso total estão em sua maioria fortemente correlacionadas com as características de cor: índice de vermelho, índice de amarelo, luminosidade e índice de saturação, visto que a cor está relacionada com a quantidade de

pigmento presente na fração líquida da carne, e assim, com a capacidade da carne em reter água. Estes resultados sugerem que um mesmo gene ou grupo gênico pode estar afetando essas características e que a identificação de um QTL em uma destas indicaria que este poderia afetar as demais.

As estimativas de correlações genéticas encontradas neste trabalho para perda por gotejamento e as características de cor da carne: luminosidade e índice de amarelo foram de 0,82 e 0,6, respectivamente, semelhantes às apresentadas por WIJK et al., (2005) de 0,81 e 0,74. No entanto, as correlações entre perda por gotejamento, índice de vermelho e índice de saturação foram de 0,41 e 0,41, respectivamente, diferindo das encontradas por WIJK et al. (2005) de -0,13 e - 0,85; a estimativa de correlação genética entre perda por gotejamento e índice de saturação diferiu da apresentada por SCHINCKEL(2001) de -0,41.

Obtiveram-se correlações genéticas negativas de media a alta magnitude, da maciez com as características de cor e capacidade de retenção de água; assim quanto maior a perda de água, maior será a força de cisalhamento e menor a maciez da carne, a qual terá uma coloração mais clara. Estes resultados sugerem que um mesmo gene ou grupo gênico pode estar afetando essas características e a identificação de um QTL em uma destas indicaria que este poderia afetar as demais.

Os valores de correlações genéticas, neste trabalho, entre maciez e características como: luminosidade, índice de vermelho, índice de amarelo, índice de saturação e perda por gotejamento foram de -0,62, -0,36, -0,59, -0,72 e -0,3 respectivamente, diferente das apresentadas por WIJK et al. (2005) de -0,21; 0,32; 0,02; 0,61; -0,6 para as mesmas características, respectivamente, ressaltando-se que no presente trabalho a maciez foi medida por meio da força de cisalhamento.

Observaram-se, em sua maioria, correlações negativas para o pH24 e pH45 e as características relacionadas com a capacidade de retenção de água visto que, a mudança de pH da carne *post-mortem* está diretamente relacionada à capacidade da carne em reter água; quanto maior o pH menor a perda de água e quanto menor o pH maior a perda de água. Foram encontradas correlações negativas do pH24 e pH45 e as características relacionadas à cor da carne, pois a mudança de pH *post-mortem* define o tipo de pigmento que será responsável pela coloração final da carne. As correlações de media a alta magnitude indicam que genes em comum podem estar atuando sobre estas características.

As correlações genéticas entre pH45 e luminosidade, índice de amarelo, perda por cozimento, perda de peso total e índice de saturação foram de -0,47, -0,6, -0,62, -0,74 e -0,5, respectivamente. Estes resultados sugerem que um mesmo gene ou grupo gênico pode estar afetando essas características e a identificação de um QTL em uma destas indicaria que este poderia afetar as demais. PIRES (2003), ao trabalhar com mapeamento de locos de características quantitativas de suínos geneticamente divergentes no cromossomo 6, encontrou um QTL relacionado com o pH45. A alta correlação dessas características indica que este QTL relacionado ao pH45 pode estar influenciando as outras características. Não foram encontrados na literatura outros relatos de trabalhos utilizando pH45, talvez pela dificuldade de mensuração desta característica, que deve ser realizada ainda no frigorífico.

As correlações entre pH24 e luminosidade e índice de amarelo de -0,67 e -0,55, foram semelhantes às apresentadas por WIJK et al. (2005) de -0,6 e -0,46; e SCHINCKEL (2001) de -0,8 para pH24 e luminosidade. No entanto, as correlações entre pH24 e as características índice de vermelho, índice de saturação e perda por gotejamento que foram de 0,22, -0,37 e -0,49, respectivamente, diferem das apresentadas por WIJK et al. (2005) de -0,03; 0,80 em sinal e -0,86 em magnitude.

A correlação genética entre perda por cozimento e pH24 foi de 0,24, diferente da apresentada por MARBRY et al., (1998), de -0,45. Os valores encontrados para correlação genética do pH24 e perda por gotejamento e índice de saturação foram de -0,49 e -0,37 diferindo em sinal e magnitude dos encontrados por SCHINCKEL (2001), que foram de 0,71 e -0,62, respectivamente.

As correlações fenotípicas entre todas as características tiveram em sua maioria, o mesmo sentido que as correlações genéticas, divergindo apenas em magnitude.

Não houve convergência para as estimativas tanto de herdabilidade como correlações genética e fenotípicas para gordura intramuscular.

## 5. CONCLUSÕES

As características de desempenho e carcaça apresentaram em sua maioria, mediana a alta variabilidade genética, já as características de qualidade da carne apresentaram de baixa a média variabilidade genética.



As estimativas de baixa herdabilidade encontradas indicam que houve baixa variabilidade genética ou que os genes responsáveis pelas características de baixa herdabilidade não estão segregando nesta população.

Dada a variabilidade genética encontrada, expressa pelas altas e médias herdabilidades, essa população geneticamente divergentes oferece um delineamento ideal para detecção e mapeamento de locos de características quantitativas (QTLs- *quantitative trait loci*) a partir da associação marcador/característica, ou seja, associação do QTL as características quantitativas.

A correlação entre a conversão alimentar e ganho de peso médio diário, demonstra que animais com maior ganho de peso possuem melhor conversão alimentar.

As correlações genéticas do consumo de ração e as características ganho de peso diário, peso de abate, idade de abate e conversão alimentar demonstram que os animais que consumiram mais ração obtiveram maior ganho de peso, maior peso de abate, atingiram o peso de abate em menos tempo e melhor eficiência, já que obtiveram melhor conversão alimentar.

As características de capacidade de retenção de água: perda por gotejamento, perda por cozimento e perda de peso total foram, em sua maioria, fortemente correlacionadas com as características de cor: índice de vermelho, índice de amarelo, luminosidade e índice de saturação.

As correlações genéticas da maciez com as características de cor e capacidade de retenção de água, mostram que quanto maior a perda de água, maior será a força de cisalhamento e menor a maciez da carne, a qual terá uma coloração mais clara.

As correlações encontradas para o pH24 e pH45 e as características relacionadas com a capacidade de retenção de água e a cor da carne mostram que a mudança de pH da carne *post-mortem* está diretamente relacionada à capacidade da carne em reter água e com o tipo de pigmento que será responsável pela coloração final da carne.

O rendimento de carcaça apresentou médias correlações genéticas positivas com a maioria das espessuras de toucinho, e correlações genéticas negativas com a maioria das características de rendimento, devido à possibilidade dos genes responsáveis pela expressão do rendimento da carcaça estarem sendo mais eficientes para deposição de gordura do que para crescimento de ossos e músculos.

As correlações genéticas de média a alta magnitude verificadas entre as diversas características estudadas indicam que estas possuem genes em comum, que atuam sobre

elas, e que a identificação de um QTL em uma destas características indicaria que este poderia influenciar a outra.

## **6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

ALMEIDA NETO. P.P.; OLIVEIRA. A.I.G.; ALMEIDA. A.J.L.; LIMA. A.F.; SILVA. M.A.; COSTA. C.N. 1993. Parâmetros genéticos e fenotípicos de características de carcaça de suínos. Rev. Soc. Bras. Zootec. 22:624-633.

ANDERSEN. S. and B. PEDERSEN. 2000. Genetic parameters for colour traits and pH and correlations to production traits. Pages 129–133 in Proc. EAAP. publication No. 100. Zurich. Switzerland.

ANDERSON. R.D.; GILMOUR. A.R. (Eds.) Use of mixed models for prediction and for estimation of (co) variance components. [s.1.] University of New England-AGBU. 1984. p.77-145. (BLUP School Handbook)

ANUALPEC. (2007). Anuário da Pecuária Brasileira. São Paulo: Institut FNP, 2007. 368p.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE SUÍNOS. Método Brasileiro de Classificação de Carcaça. Estrela-RS. ABCS. 1973. 17p.

BARBIN. D. Componentes de variância. Piracicaba: ESALQ.USP. 108p. 1993.

BENEVENUTO JÚNIOR. A.A. Avaliação de rendimento de carcaça e de qualidade da carne de suínos comerciais. de raça nativa e cruzados. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 2001. 93 p. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Alimentos) – Universidade Federal de Viçosa. 2001.

BOLDMAN. K.G.; KRIESE. S.; Van VLECK. L.D. et al. MTDFREML user's guide USDA/ARS Claycenter. Nebraska. 1995. 114p.

- BRYNER. S.M.. MABRY. J.W.. BERTRAND. J.K. et al. 1992. Estimation of direct and maternal heritability and genetic correlation for backfat and growth rate in swine using data from centrally tested Yorkshire boars. *J. Anim. Sci.*. 70(6):1755-59.
- CAMERON. N.D. Selection for components of efficient lean growth rate in pigs. 1. Selection pressure applied and responses in a Large White herd. *Animal Production*. v.59. p.251-262. 1994.
- CARDELLINO. R. A.. ROVIRA. J. Mejoramiento genético animal. Montevideo. *Hemisfério Sur*. 1987. 253p.
- CATALAN. G. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em suínos Landrace, Large White e Duroc, nas fases de crescimento e terminação. Viçosa. MG:UFV. 1986. 129 p. Dissertação ( Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 1986.
- COLLAO SAENZ. E.A. Aplicação de modelos animais na estimação de parâmetros genéticos em características de carcaça de suínos. Lavras: Universidade Federal de Lavras. 1994. 57p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras. 1994.
- COSTA. A.R.C. Avaliação genética e valores econômicos de características de desempenho em suínos. Viçosa. MG: UFV. 1999. 50 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 1999.
- COSTA. A.R.C.; LOPES. P.S.. TORRES. R.A. et al. Estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho de suínos das raças Large White. Landrace e Duroc. *Revista Brasileira de Zootecnia*. v.30. n.1. p.49-55. 2001.
- CUNHA. E.E. Ação gênica não-aditiva de dominância na avaliação genética. Viçosa. Mg. 2005. 112p. Dissertação (Doutorado em genética e melhoramento) - – Universidade Federal de Viçosa. 2005.

- DAVID. P.J., JOHNSON. R.K., SOCHA. T.E. 1983. Genetic and phenotypic parameters estimated from Nebraska specific-pathogen-free swine field records. *J. Anim. Sci.*. 57(5):1117-23
- DE VRIES. A. G., P. G. VAN DER WAL. T. LONG. G. EIKELENBOOM. AND J. W. M. MERKS. 1994. Genetic parameters of pork quality and production traits in Yorkshire populations. *Livest. Prod. Sci.* 40:277–289.
- FALCONER. D.S. 1987. *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de M.A. SILVA. e J.C. SILVA. Viçosa: Imprensa Universitária. 279 p.
- FERRAZ. J.B.S., JOHNSON. R.K. 1993. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. *J. Anim. Sci.*. 71(4):850-58.
- GINÉ. G.A.F.; FREITAS. R.T.F.; OLIVEIRA. A.I.G.; PEREIRA. I.G.; GONÇALVES. T.M. Estimativa de Parâmetros Genéticos para Características de Carcaça em um Rebanho de Suínos Large White. *Revista Brasileira de Zootecnia*. v.33. n.2. p.337-343. 2004.
- GRASER. H. U., SMITH. S. P., TIER. B. A Derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. *Journal Animal Science*. 64:1362-1370. 1987.
- HARTLEY. H.O.; RAO. J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. *Biometrika*. v. 54. p.93-108. 1967.
- HENDERSON. C.R. Estimation of variance and variance components. *Biometrics*. v.9. p.226-252. 1953.

- Hermesch. S., B. G. Luxford, and H. U. Graser. 2000a. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs 1. Description of traits and heritability estimates. *Livest. Prod. Sci.* 65:239–248.
- HICKS. C.; TSUTOMU. F.; SCHINCKEL. A.P. Estimates of genetic parameters for daily gain and carcass traits for Japanese Large White Swine. *Swine Day Report*. 1998. 3p.
- HOVENIER. R., E. KANIS, TH. VAN ASSELDONK, AND N. G. WESTERINK. 1992. Genetic parameters of pig meat quality traits in a halothane negative population. *Livest. Prod. Sci.* 32:309–321.
- HOVENIER. R., E. KANIS, TH. VAN ASSELDONK, AND N. G. WESTERINK. 1993. Genetic parameters of pig meat quality traits in a halothane negative population. *Livest. Prod. Sci.* 32:309–321.
- IRGANG. R. Limites fisiológicos do melhoramento de suínos. In. XXXV REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA. 1998. Botucatu – SP. Simpósio: Aditivos na produção de ruminantes. Aditivos na produção de não-ruminantes . Fronteiras do melhoramento genético animal. Botucatu – SP. Sociedade Brasileira de Zootecnia. 1998. p. 355 – 369.
- IRGANG. R., SCHEID. I.R., AFONSO. S.B. Correlações genéticas e fenotípicas entre peso aos 90 dias, idade aos 100 kg e espessura de toucinho em suínos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE VETERINÁRIOS ESPECIALISTAS EM SUÍNOS. 7. 1995. Blumenau. Anais...Blumenau: ABRAVES. 1995. p.175.
- JOHNSON. R.K., ECKARDT. G.R., RATHJE. T.A. et al. 1994. Ten generations of selection for predicted weight of testes in swine: direct response and correlated response in body weight, backfat, age at puberty and ovulation rate. *J. Anim. Sci.* 72(8):1978-88.
- JUDGE. M. D., ABERLE. E. D., FORREST. J. C., HEDRICK. H. B., MERKEL. R. A. **Principles of meat science**. 2.ed. Kendall//Hunt Publishing Company. 1989. 351p.

- 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.
- KENNEDY. B.W. Variance component estimation and prediction of breeding values. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*. Ottawa. v.23. n.4. p.565-578. 1981.
- KENNEDY. B.W.. JOHANSSON. K.. HUDSON. G.F.S. 1985. Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90 kg in performance tested pigs. *J. Anim. Sci.*. 61:78-82.
- LARZUL. C.; LEFAUCHEUR. L.; ECOLAN. P. et al. Phenotypic and genetic parameter for longissimus muscle fiber characteristics in relation to growth, carcass and meat quality traits in Large White pigs. *Journal of Animal Science*. v.75. p.3126-3137. 1997.
- LI. X.. KENNEDY. B.W. 1994. Genetic parameters for growth rate and backfat in canadian Yorkshire, Landrace, Duroc and Hampshire pigs. *J. Anim. Sci.*. 72(6):1450-54.
- LO. L.L.. McLAREN. D.G.. McKEITH. F.K. et al. 1992. Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritabilities and correlations. *J. Anim. Sci.*. 70(8):2387-96.
- LOPES. P.S. Teoria do melhoramento animal. – Belo Horizonte: FEPMVZ, 2005. 118p.
- LOPES. P.S. Avaliação genética de suínos utilizando metodologia de modelos mistos. Viçosa:UFV. 1994. 98 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 1994.
- LOPES. P.S.; FREITAS. R.T.F.; FERREIRA. A.S. 1998. Melhoramento de Suínos. UFV. 39 p. (Caderno Didático. 37).

- LOPES. P. S.; MARTINS. E. N.; SILVA. M. A. et al. Estimação de Componentes de Variância. Ed. UFV. Viçosa-Minas Gerais. 1993. p 61.
- MABRY Dr. John W.. Iowa State University. BAAS Dr. Tom J. Iowa State University  
Miller Dr. Rhonda K.. Texas A & M University - [PDF] P O R K Q U A L I T- The Impact of Genetics on Pork Quality (Revised).1998. NATIONAL PORK BOARD. [www.meatscience.org/Pubs/factsheets/q-genetics49.pdf](http://www.meatscience.org/Pubs/factsheets/q-genetics49.pdf) -
- MARTINS. E. N.. LOPES. P. S.. SILVA. M. A.. TORRES JÚNIOR. R. A. A. Uso de modelos mistos na avaliação genética animal. Viçosa. MG: UFV. 1997. p. 121.
- MARTINS. E.N.. LOPES. P.S.. SILVA. M.A.. TORRES JÚNIOR. R.A.A. Uso de modelos mistos na avaliação genética animal. Viçosa. MG: UFV. 1997. 121 p. (Cadernos didáticos. 18).
- MEYER. K. 1986. Between algorithms: a "short cut" restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. J. Dairy Sci.. 69(7):1904-16.
- NPPC. 1995. Genetic Evaluation/Terminal Line Program Results. R. Goodwin and S. Burroughs. ed. Natl. Pork Prod. Counc.. Des Moines. IA.
- OLIVEIRA. A.I.G.; SAENZ. E.A.C.. FERRAZ. J.B.S.. FIALHO. T.E. Parâmetros genéticos para características de carcaça de suínos. 1.Estimativas de herdabilidade. Revista Brasileira de Zootecnia. v.26. n.1. p.54-60. 1997.
- OLIVEIRA. A.I.G.; SAENZ. E.A.C.. FERRAZ. J.B.S.. FIALHO. T.E. Parâmetros genéticos para características de carcaça de suínos. 2.Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas. Revista Brasileira de Zootecnia. v.26. n.1. p.61-65. 1997.
- PATTERSON. H.D.. THOMPSON. R.. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. Biometrika. 58(3):545-54.1971.
- PEREIRA. A.F. 2000. Melhoramento genético de suínos. IN: Reunião Anual da SBZ. 37. Anais dos Simpósios. Viçosa:SBZ. 2000. p.9-15.

- PEREIRA. J. C. C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. Belo Horizonte: Editora. 1996. 416 p.
- PIRCHNER. F. Population genetics in animal breeding. 2.ed. New York: Plenum. 1983. 414 p.
- PIRES. A. V. Mapeamento de locos de características quantitativas. No cromossomo seis de suíno. Viçosa. MG: UFV. 2003. 86p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. 2003.
- PIRES. A.V. Avaliação genética de características reprodutivas em suínos. Viçosa: UFV. 1999. 83 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa. 1999.
- PIRES. A.V. ;LOPES P.S.; GUIMARÃES S.E.F. Mapeamento de locos de características quantitativas no cromossomo 6, associados às características de carcaça e de órgãos internos de suínos. R. Bras. Zootec., v.35, n.4, p.1660-1668, 2006
- PITA. F.V.C. Modelos para avaliação genética e comparação de características de desempenho para a seleção de suínos. Jaboticabal.: UNESP. 2000. 157 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual Paulista. 2000.
- ROSO. V.M.; FRIES. L.A.; MARTINS. E.S. Parâmetros genéticos em características de desempenho e qualidade de carcaça em suínos da raça Duroc. Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia. v.24. n.2. p.310-316. 1995.
- ROTHSCHILD. M.F.. HENDERSON. C.R.. QUAAS. R.L. Effects of selection on variances and covariance of simulated first and second lactation records. Journal Dairy Science . v.62: 996 – 1002. 1979.
- SCHINCKEL Allan P Genetics of Pork Quality. [Word-65K] Department of Animal Sciences. Purdue University



<http://www.ansc.purdue.edu/courses/ansc443/Papers/Gene>] more hits from  
[<http://www.ansc.purdue.edu>] Apr 2001.

SEARLE, S. R. Linear models. New York: John Wiley & Sons. 1971. 532 p.

SEARLE. S.R.. CASELLA. G.. McCULLOCH. C.E. 1992. Variance components. New York: Jonh Wiley & Sons. 501p.

SILVA. M.A. Melhoramento animal: métodos de estimação de componentes genéticos. Viçosa. MG: UFV. 1980. 49p.

SILVA. M.A., CATALAN. G., TORRES. R.A. et al. 1992. Estimativas de componentes genéticos de características de importância econômica em três diferentes raças de suínos. R. Soc. Bras. Zootec.. 21:923-932.

SONESSON. A. K.. K. H. DE GREEF. AND T. H. E. MEUWISSEN. 1998. Genetic parameters and trends of meat quality. carcass composition and performance traits in two selected lines of large white pigs. Livest. Prod. Sci. 57:23–32.

SORENSEN. D.A.. KENNEDY. B.W. 1984. Estimation of genetics variances from unselected and selected populations. J. Anim. Sci.. 59(5):1213-23.

SUZUKI K. IRIE M. KADOWAKI H. SHIBATA T. KUMAGAI M. NISHIDA A. Genetic parameter estimates of meat quality traits in Duroc pigs selected for average daily gain. longissimus muscle area. backfat thickness. and intramuscular fat content. (2005).

TORRES JÚNIOR. R.A.A.; SILVA. M.A.; LOPES. P.S.; REGAZZI. A.J.; EUCLYDES. R.F. 1998. Estimativas de componentes de (co) variância para características produtivas de suínos Landrace e Large White pelo método da máxima verossimilhança restrita. Rev. Bras. Zootec.. 27:283-291.

- TORRES JÚNIOR.. R.A.A. Eficiência das informações de diferentes grupos contemporâneos na avaliação genética de suínos utilizando modelos mistos em procedimentos uni e multivariados. Viçosa: UFV. 1996. 117p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. 1996.
- TORRES. R.A. Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. Belo Horizonte: UFMG. 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais. 1998.
- WIJK Van HJ. Arts DJ. Matthews JO. Webster M. Ducro BJ. Knol EF. Genetic parameters for carcass composition and pork quality estimated in a commercial production chain. *Journal of Animal Science*. 2005; 83:324–333.
- YATES. F. The analysis of multiple classifications with unequal numbers in the different classes. *Journal of the American Statistical Association*. v.29. p.51-66. 1934.

## ANEXOS

Nesta seção encontram-se as estimativas das variância genéticas e fenotípicas para as várias características estudadas, sendo as características de desempenho apresentadas na tabela 1, as características de carcaça e cortes na tabela 2 e 3 e as características de qualidade de carne na tabela 4.

**Tabela 1 – Componente de variância genética e fenotípica para as características de desempenho**

<i>Características</i>	<i>Variância genética</i>	<i>Variância fenotípica</i>
CA	0.1017	0.43666
CR	15.83259	58.09071
IDA	0.00758	0.01750
GPD	23.63175	94.77336
P21	1.13534	1.44409
P42	3.09158	4.07397
P63	11.77680	13.69988
P77	14.51353	20.84705
P105	20.61213	40.19150
PA	4.88278	27.81218

P21, P42, P63, P77 e P105 = peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade, respectivamente; PA = peso ao abate; GPD = ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias; CR = consumo de ração dos 77 aos 105 dias; CA = conversão alimentar dos 77 aos 105 dias e IDA = idade ao abate.

**Tabela 2 - Componente de variância genética e fenotípica para as características de carcaça**

<i>Características</i>	<i>Variância genética</i>	<i>Variância fenotípica</i>
RCARC	1.18278	3.31811
MBCC	3.04307	12.28152
MLC	1.65452	7.17859
SH	2.42051	23.52026
UC	5.20046	19.77956
UL	13.71486	31.59413
LL	1.05434	4.22531
P2	2.39049	11.62528
ETO	4.60517	23.8923
EBACON	8.60836	33.94261

PA = peso ao abate; RCARC = rendimento de carcaça com pés e cabeça; MBCC = comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC = comprimento de carcaça pelo Método Americano; SH = maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; UC = espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; UL = espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; LL = menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; P2 = espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar; ETO = espessura de toucinho a 6,5 cm da linha dorso-lombar; equivalente à P2; EBACON = espessura do bacon.

**Tabela 3 – Componente de variância genética e fenotípica para as características de cortes da carcaça**

<i>Características</i>	<i>Variância genética</i>	<i>Variância fenotípica</i>
PP	0.00852	0.1297
PPL	0.08847	0.18858
PCOPA	0.0052	0.05086
PCOPAL	0.00527	0.04106
PPA	0.03441	0.13218
PPAL	0.03965	0.10678
PC	0.01312	0.1105
PL	0.00635	0.02714
PB	0.00977	0.10187
PCOS	0.00383	0.0431
PAPADA	0.00528	0.03975
PF	0.00051	0.00112
PBR	0.00625	0.01963

PP = peso total do pernil; PPL = peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA = peso total da copa; PCOPAL = peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA = peso total da paleta; PPAL = peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC = peso total do carré; PL = peso do lombo; PB = peso total do bacon; PCOS = peso das costelas; PAPADA = peso total da papada; PF = peso do filezinho e PBR = peso da banha rama.

**Tabela 4 – Componente de variância genética e fenotípica para as características de qualidade de carne**

<i>Característica</i>	<b>Variância genética</b>	<b>Variância fenotípica</b>
pH45	0.00937	0.06919
pH24	0.00354	0.02187
GOTEJ	0.63650	2.88608
COZ	2.32614	6.20168
PTOT	3.07634	7.75211
MACIEZ	243066,12483	748557,54838
L	1.04230	3.80667
A	0.15155	0.38566
B	0.08785	0.28789
H	10.89248	32.63399
C	0.07736	0.26095

pH45 = pH 45 minutos após o abate; pH24 = pH 24 horas após o abate; GORINT = porcentagem de gordura intramuscular; GOTEJ = perda de peso por gotejamento; COZ = perda de peso por cozimento; PTOT = perda de peso total; MACIEZ = maciez objetiva (força de cisalhamento); L = luminosidade; A = índice de vermelho; B = índice de amarelo; H = tonalidade de cor; e C = índice de saturação.