



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

Estimativas de parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos vivos considerando diferentes partições

Carla Daniela Suguimoto Leite¹, Jeffrey Frederico Lui², Davi Nogueira Maciel Alves³,
Fabiano Veraldo da costa Pita⁴, Lúcia Galvão de Albuquerque⁵

¹Mestranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal.

Bolsista da CAPES. e-mail: carlaleite_zoo@yahoo.com.br

²Professor Doutor - FCAV - UNESP/Jaboticabal. e-mail: jeffrey@fcav.unep.br

³Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal.

Bolsista da FAPESP. e-mail: davigenetic@yahoo.com.br

⁴Doutor em Genética e Melhoramento Animal. Pesquisador Newsham Genetics EUA. e-mail:

fabiano_pita@newsham.com

⁵Professora Adjunto - FCAV - UNESP/Jaboticabal. Pesquisadora do CNPq. e-mail: lgalb@fcav.unep.br

Resumo - Estimativas de parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos vivos (NLNV), nas seis primeiras partições, foram obtidas pela metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML) empregando-se um modelo de repetibilidade e um modelo de multicaracterística, em que cada partição foi considerada como uma característica distinta. As médias fenotípicas variaram entre 10,5 e 11,12 leitões. As herdabilidades estimadas com o modelo de repetibilidade foi de $0,08 \pm 0,01$, enquanto no modelo multicaracterística as estimativas variaram entre 0,04 e 0,12. As correlações genéticas variaram de 0,37 a 0,94, sendo a menor entre a primeira e a sexta partições e as maiores entre a primeira e as quatro partições sucessivas, variando de 0,81 a 0,94. Conclui-se que há diferenças no controle genético das primeiras e últimas partições e um modelo de repetibilidade, incluindo dados do primeiro até o quarto parto, poderia ser utilizado para avaliação genética desta característica.

Palavras-chave: Correlações genéticas, herdabilidade, leitões nascidos vivos

Estimation of genetic parameters for number of piglets born alive considering different parities

Abstract - Genetic parameter estimates for the number of piglets born alive (NBA), in the first six parities, were estimated by Restricted Maximum Likelihood methodology (REML) using a repeatability model and a multitrait model, where each parity order was considered as a different trait. The phenotypic mean of the NBA ranged from 10.5 to 11.12 piglets. The heritability estimated by the repeatability model was 0.08 ± 0.01 , whereas for multitrait models the estimates ranged from 0.04 to 0.12. The genetic correlation estimates ranged from 0.37 to 0.44, the lowest was between the first and the sixth parity and the highest estimates between the first and the successive four parities, ranging from 0.81 to 0.94. It was

concluded that there were differences in the genetic control of the first and later parities and a repeatability model including data from the first to fourth parities, could be used for genetic evaluation of this trait.

Keywords: Genetic correlations, heritability, piglets born alive

Introdução

A eficiência reprodutiva da matriz suína pode ser avaliada pelo o número de leitões nascidos vivos por porca por ano deste modo, tamanho de leitegada tem sido amplamente considerado nos programas de melhoramento animal.

Modelos de repetibilidade têm sido utilizados para estimar parâmetros genéticos para o tamanho de leitegada, assumindo correlações genéticas iguais a unidade entre o tamanho de leitegada nas parições subseqüentes e homogeneidade de variâncias ao longo dos partos. Os modelos multicaracterísticas também podem ser utilizados para estimar parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos, supondo-se que cada parição seja uma característica distinta e correlações genéticas diferentes de um.

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos vivos (NLNV), utilizando-se modelos de repetibilidade e multicaracterísticas, buscando fornecer subsídios para o programa de melhoramento genético de suínos.

Material e Métodos

Os dados utilizados foram provenientes de duas linhagens maternas Newsham®, registrados no período de janeiro de 2004 a abril de 2007, alojadas em duas granjas núcleo americanas situadas nos estados de Wyoming e Kansas. O arquivo original continha 13.934 informações de leitegadas de 4.389 porcas, filhas de 218 varrões, totalizando 6.629 animais na matriz de parentesco.

Na análise considerou-se somente porcas com ordem de parto igual ou inferior a seis, e grupos de contemporâneos, formados pela combinação do rebanho com o ano e a estação em que ocorreu a parição, com no mínimo cinco observações. Estas restrições levaram a um descarte de 4,6 % dos dados (Tabela 1).

Foram considerados como efeitos fixos a ordem de parição (modelo de repetibilidade), a linhagem da matriz e o grupo de contemporâneos.

O modelo de repetibilidade pode ser representado matricialmente como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2p + \varepsilon \quad (1)$$

Onde: y é o vetor de observações, β o vetor efeitos fixos, a , p e ε são vetores de efeitos aleatórios genético aditivo direto, de ambiente permanente e residuais, respectivamente. X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência para os efeitos fixos, genéticos aditivos diretos, de efeitos permanentes de ambiente, respectivamente. Assumindo-se que: $\text{Var}(a) = A\sigma_a^2$; $\text{Var}(p) = I\sigma_p^2$; $\text{Var}(\varepsilon) = I\sigma_e^2$; $E(y) = X\beta$ e $E(a) = E(p) = E(\varepsilon) = 0$.

Ao considerar o número de leitões em cada ordem de parição como uma característica diferente (modelo multicaracterísticas), o efeito de ambiente permanente e o efeito fixo de ordem de parição foram excluídos do modelo (1).

As análises foram realizadas através do método da máxima verossimilhança restrita (REML), sendo que para o modelo de repetibilidade utilizou-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995) e para modelo multicaracterísticas, o programa REMLF90 (Misztal, 2002).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 encontram-se as médias para NLNV, geral e para cada ordem de parto, e seus respectivos desvios-padrão. Observou-se menor valor de média na primeira parição e o maior na quarta sendo que a média geral encontra-se próxima da encontrada por Hanenberg et al. (2001).

Tabela 1 - Número de observações, média e desvio-padrão para o número de leitões nascidos vivos (NLNV) para o arquivo como um todo e para as diferentes parições.

	Número de observações	Média	Desvio-padrão
Repetibilidade Parições	13292	10,90	3,03
1	4352	10,50	3,02
2	3070	10,72	3,07
3	2480	11,22	2,99
4	1733	11,41	2,94
5	1091	11,27	2,90
6	566	11,12	3,03

A herdabilidade para NLNV estimada pelo modelo de repetibilidade foi de $0,08 \pm 0,01$, enquanto, nas análises multicaracterísticas as estimativas variaram entre 0,04 e 0,12, sendo o menor valor obtido na sexta parição e o maior na quinta (Tabela 2). Valores semelhantes de herdabilidade para NLNV foram relatados por Hanenberg et al. (2001), entre 0,04 e 0,09 e inferiores por Alfonso et al. (1997), de 0,02 a 0,04.

Tabela 2 - Estimativas da variâncias genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_p^2), do erro (σ_e^2) e herdabilidades (h^2) para NLNV obtidas através de um modelo de repetibilidade e para cada parição em análises multicaracterísticas.

	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	h^2
Repetibilidade Multicaracterística	0,72	0,84	7,59	$0,08 \pm 0,01$
1	0,89	-	8,10	0,10
2	0,68	-	8,72	0,07
3	0,65	-	8,19	0,07
4	0,83	-	7,81	0,10
5	1,03	-	7,39	0,12
6	0,36	-	8,88	0,04

Na Tabela 3 estão presentes as estimativas de covariâncias e correlações genéticas entre as diferentes ordens parição. As correlações genéticas variaram de 0,37 a 0,94 e entre parições subseqüentes podem ser consideradas de alta magnitude ($>0,80$). A maior estimativa ocorreu entre a primeira e a terceira ordem de parto (0,94). As menores correlações genéticas ocorreram nas três primeiras parições com as duas últimas parições, sendo a correlação entre a primeira e a sexta parições com o menor valor (0,37). Deste modo, evidencia-se uma diferença no controle genético das primeiras e últimas parições.

As altas correlações entre as quatro primeiras parições sugerem que a seleção para o NLNV pode ser realizada com base na primeira parição, uma vez que dentre estas parições apresentou maior herdabilidade e proporcionaria um menor intervalo entre gerações. No entanto, o NLNV é uma característica de baixa herdabilidade e a inclusão de informações de outras parições, além da primeira, pode aumentar a acurácia de seleção.

Tabela 3 - Estimativas das herdabilidades (na diagonal, em negrito), covariâncias genéticas (abaixo da diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) entre as diferentes parições em análises multicaracterísticas.

Parições	1	2	3	4	5	6
1	0,10	0,903	0,944	0,808	0,575	0,369
2	0,699	0,07	0,866	0,849	0,681	0,558
3	0,718	0,575	0,07	0,820	0,602	0,431
4	0,693	0,636	0,604	0,10	0,898	0,572
5	0,550	0,568	0,493	0,830	0,12	0,572
6	0,208	0,275	0,209	0,313	0,348	0,04

Conclusões

Pelos resultados obtidos no presente trabalho, conclui-se que há diferenças no controle genético do número de leitões nascidos vivos entre as primeiras e últimas parições. Um modelo de repetibilidade, incluindo dados do primeiro até o quarto parto, poderia ser utilizado para avaliação genética desta característica.

Literatura Citada

- ALFONSO, L.; NOGUERA, J.L.; BABOT, D. et al. Estimates of genetic parameters for litter size at different parities in pigs. **Livestock Production Science**, v.47, p.149-156, 1997.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, D.L. et al. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT] Lincoln: USDA/ARS, 1995. 120p.
- HANENBERG, E.H.A.T.; KNOL, E.F.; MERKS, J.W.M. Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in Dutch Landrace pigs. **Livestock Production Science**, v.69, p.179-186, 2001.
- MISZTAL, I. **REMLF90: Manual**, 2002. Disponível em: <<ftp://nce.ads.uga.edu/pub/ignacy/blupf90/docs/remlf90.pdf>>. Acesso em: 18/04/2008.