

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

**Estimativa de parâmetros genéticos do tamanho de leitegada de fêmeas Landrace**

**Sirlene Fernandes Lázaro<sup>1</sup>, Vivian Paula Silva Felipe<sup>2</sup>, Tiago Luciano Passafaro<sup>3</sup>, Mariana Anrain<sup>4</sup>, Martinho de Almeida e Silva<sup>5</sup>, Paulo Sávio Lopes<sup>6</sup>**

<sup>1</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFV/Viçosa. Bolsista da Capes. e-mail: [sirlenelazaro@yahoo.com.br](mailto:sirlenelazaro@yahoo.com.br)

<sup>2</sup>Research Associate University of Wisconsin – Madison.

<sup>3</sup>Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFMG/Belo Horizonte. Bolsista da Capes

<sup>4</sup>Mestre em Zootecnia

<sup>5</sup>Prof. Voluntário da Universidade Federal de Minas Gerais/Belo Horizonte. Bolsista CNPq.

<sup>6</sup>Prof. Associado da Universidade Federal de Viçosa/Viçosa. Bolsista CNPq.

**Resumo:** Objetivou-se com este estudo estimar parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos vivos por meio de modelos de regressão aleatória utilizando polinômio de Legendre de ordem dois e averiguar a melhor modelagem da variância residual para o tamanho da leitegada de fêmeas Landrace. Os dados utilizados são provenientes de uma granja de melhoramento genético de suínos e apresentam 2388 observações. O modelo com quatro classes de variâncias residuais foi o mais adequado (BIC). As herdabilidades estimadas variaram de baixas a altas (0,04-0,29). As estimativas de correlações genéticas e de ambiente permanente foram maiores entre parições adjacentes. Os efeitos da heterogeneidade da variância residual devem ser testados na modelagem das características de tamanho da leitegada. Ganhos genéticos mais elevados podem ser alcançados por meio da seleção no tamanho da leitegada de fêmeas na primeira parição.

**Palavras-chave:** correlação, herdabilidade, modelo, parição

**Estimate of genetic parameters for litter size in Landrace females**

**Abstract:** This study aimed to estimate genetic parameters for number of piglets born alive by random regression models using Legendre polynomial of two order and to evaluate the best way for modelling the residual variance of litter size in Landrace females. The data come from a swine breed improvement program and consisted of 2388 litter size records. The model with four classes of residual variance was the most appropriate (BIC). The estimated heritability ranged from low to high (0.04 to 0.29). The estimated correlations of genetic and permanent environmental effects were greater among adjacent parity. The effects of heterogeneity of residual variance should be tested in modeling the characteristics of litter size. Higher genetic gains can be achieved by selecting in litter size of females at first parity.

**Keywords:** correlation, heritability, model, parity

**Introdução**

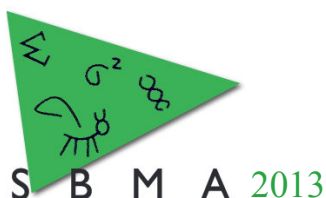
O Brasil é o quarto maior produtor e exportador, e o sexto maior consumidor de carne suína. Em 2011, o país produziu 3,36 milhões de toneladas de carne, nesse mesmo ano, as exportações brasileiras de carne suína foram de 516 mil toneladas, para cerca de 60 países, atingindo a cifra de US\$ 1,43 bilhão (ABIEPCS, 2011).

No entanto, a obtenção de material genético de qualidade, por sua vez, requer programas de melhoramento bem fundamentados, que forneçam animais com valores genéticos acurados e precisos, e permitam o estabelecimento dos critérios de seleção para as diversas características de importância econômica.

Portanto, objetivou-se com esta pesquisa, estimar parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos vivos por meio de modelos de regressão aleatória utilizando polinômio de Legendre de ordem dois em função da ordem de parição e averiguar a melhor modelagem da variância residual para o tamanho da leitegada de fêmeas Landrace.

**Material e Métodos**

Os dados são provenientes de uma granja de melhoramento genético de suínos de Minas Gerais. O banco de dados contém informações de 929 fêmeas com 2388 partos (2005 – 2010) e arquivo de pedigree com 1108 animais.



O tamanho da leitegada foi analisado por modelos de regressão aleatória, por meio do programa Wombat (Meyer, 2007) e de polinômios ortogonais de Legendre, ajustados por funções de ordem dois para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente e para a trajetória média da população, com diferentes classes residuais (1, 2, 3, 4, 5, 6 classes de variâncias residuais):

$$y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2\rho + e$$

em que:  $y$  é o vetor com o tamanho da leitegada dos animais;  $X$  é a matriz de incidência de efeitos fixos;  $\beta$  é o vetor com as soluções para os efeitos fixos e coeficientes de regressão que descrevem a trajetória média da população;  $Z_1$  é a matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos diretos;  $\alpha$  é o vetor com as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genéticos aditivos diretos;  $Z_2$  é a matriz de incidência dos efeitos de ambiente permanente direto;  $\rho$  é o vetor com as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos de ambiente permanente direto e  $e$  é o vetor de resíduos.

Os modelos foram comparados, pela mudança no logaritmo da função de máxima verossimilhança (LogL), e pelo critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC) que permite comparação entre os modelos não hierárquicos e impõe penalidades de acordo com o número de parâmetro a ser estimado.

#### Resultados e Discussão

Observou-se menor valor de logaritmo de verossimilhança (Log L), no modelo com variância residual homogênea (Tabela 1), e seu aumento juntamente com o aumento das classes de variância residual.

Tabela 1 - Número de parâmetros (Np), Log L e BIC, para os modelos que mais se ajustaram aos dados

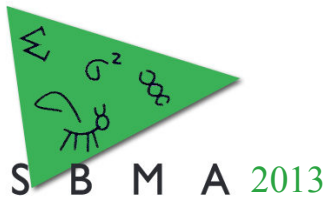
Modelo quanto à variância residual	Op	Np	Log L	BIC
1 Classe	2	7	<b>-3889,12</b>	7801,89
2 Classes	2	8	-3889,05	7805,11
3 Classes	2	9	-3887,98	7806,35
<b>4 Classes</b>	<b>2</b>	<b>10</b>	-3883,82	<b>7801,39</b>
5 Classes	2	11	-3882,79	7802,72
6 Classes	2	12	-3881,95	7804,40

No entanto, as variações ao longo das curvas de produção em suínos são atribuídas a diversos fatores que não são facilmente incorporados aos modelos de análise, em razão de não existirem informações sobre eles. Assim, essas variações são redirecionadas ao resíduo, necessitando atribuir diferentes estruturas para o resíduo. Portanto, o modelo que considerou a variância residual com quatro classes foi o de melhor ajuste para os dados (BIC) (Cavalcante-Neto et al., 2011).

As estimativas de variância genética foram mais elevadas nas últimas partições, período com menor registro de leitegadas, em função da seleção das matrizes, o que pode levar a dificuldades para o ajuste do modelo, resultando em estimativas mais elevadas.

Tabela 2 - Estimativas das variâncias genética ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente ( $\sigma_{pem}^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_p^2$ ), e herdabilidade ( $h^2$ ), obtidas por modelos de regressão aleatória para o modelo que melhor ajustou-se aos dados

Partição/Modelo	Componentes de Variância				
	$\sigma_a^2$ $k_a = 2$	$\sigma_{pem}^2$ $k_p = 2$	$\sigma_e^2$ $e = 4$	$\sigma_p^2$	$h^2$
1	0,71	1,07	7,60	9,38	0,08
2	0,50	0,72	10,06	11,29	0,04
3	0,65	0,46	9,49	10,59	0,06
4	1,14	0,28	9,49	10,91	0,10
5	1,98	0,19	7,53	9,70	0,20
6	3,18	0,18	7,53	10,89	0,29



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

$k_a$  - ordem do polinômio para o efeito genético aditivo direto;  $k_p$  - ordem do polinômio para o efeito de ambiente permanente direto;  $e$  - classes residuais

As estimativas de correlações genéticas aditivas e de ambiente permanente foram maiores entre parições adjacentes e decresceram à medida que o intervalo entre as parições aumentou.

Tabela 3 - Estimativas de correlações de efeito genético aditivo direto (diagonal superior) e de efeito de ambiente permanente direto (diagonal inferior) nas seis primeiras parições

Parição	Parição					
	1	2	3	4	5	6
1		0,996	0,974	0,888	0,605	0,057
2	0,880		0,990	0,925	0,673	0,145
3	0,506	0,855		0,969	0,770	0,283
4	0,162	0,611	0,933		0,903	0,510
5	-0,047	0,432	0,837	0,978		0,830
6	-0,171	0,316	0,763	0,944	0,992	

As estimativas de correlações genéticas entre as várias parições foram altas e positivas, à exceção das correlações entre a quinta e a sexta parição com as demais, o que sugere que a seleção não deve ser realizada tardiamente.

A seleção na primeira parição, nesta situação, proporcionaria ganhos por meio da resposta correlacionada, uma vez que as correlações genéticas nesse período (1ª a 4ª parição) foram todas maiores que 0,80, indicando que a maioria dos genes que atuam em uma parição atua nas demais e no mesmo sentido, portanto, os melhores animais nas primeiras parições também podem ser melhores nas demais parições (Robertson, 1959; Cavalcante-Neto et al., 2011).

### Conclusões

Os efeitos da heterogeneidade da variância residual devem ser testados na modelagem das características de tamanho da leitegada em suínos. Ganhos genéticos mais elevados podem ser alcançados por meio da seleção do tamanho da leitegada de fêmeas na primeira parição.

### Literatura citada

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA INDÚSTRIA PRODUTORA E EXPORTADORA DE CARNE SUÍNA – ABIPECS. 2011. **Produção mundial de carne suína**. Available at: <<http://www.abipecs.org.br/pt/estatisticas/mundial/producao-2.html>>. Accessed on: Apr. 23, 2012.
- CAVALCANTE-NETO, A. et al. Modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual para descrever o tamanho da leitegada. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.4, p.1043-1050, 2011.
- MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**, v.8, n.11, p.815-821, 2007.
- ROBERTSON, A. The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.