

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

Avaliação genética do tamanho de leitegada em fêmeas Large White utilizando modelos de regressão aleatória

Sirlene Fernandes Lázaro¹, Vivian Paula Silva Felipe², Flaviana Miranda Gonçalves³, Mariana Anrain⁴, Martinho de Almeida e Silva⁵, Paulo Sávio Lopes⁶

¹Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFV/Viçosa. Bolsista da Capes. e-mail: sirlenelazaro@yahoo.com.br

²Research Associate University of Wisconsin – Madison.

³Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFMG/Belo Horizonte. Bolsista da Capes

⁴Mestre em Zootecnia

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

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

Resumo: Objetivou-se com este estudo avaliar as trajetórias genéticas do tamanho de leitegada de fêmeas Large White em função da ordem de parição por meio de modelos de regressão aleatória utilizando polinômios de Legendre de diferentes ordens e estabelecer o melhor modelo de ajuste. Os dados são provenientes de uma granja de melhoramento genético de suínos e apresentam 2325 observações. O modelo com ordem polinomial dois foi o mais adequado baseado nos testes de Log L e BIC. Os coeficientes de regressão aleatória do intercepto (b_0) e linear (b_1) apresentaram correlação positiva para todos os efeitos aleatórios. Maiores ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção do número de leitões nascidos vivos em fêmeas primíparas.

Palavras-chave: leitão, modelo, seleção, variância

Genetic evaluation of litter size in Large White females using random regression models

Abstract: This study aimed to evaluate the genetic trajectories of litter size of Large White females in function of parity order by random regression models using Legendre polynomials of different orders and to select the best fitted model. The data come from a swine breed improvement program and consisted of 2325 litter size records. The model considering polynomial order two showed the best goodness of fit based on BIC and Log L tests. The random regression coefficients of the intercept (b_0) and linear (b_1) showed a positive correlation for all random effects. High genetic gains can be obtained by selecting the number of piglets born alive of primiparous females.

Keywords: model, piglet, selection, variance

Introdução

O Brasil é o quarto maior produtor e exportador mundial de carne suína, fonte de proteína animal mais consumida no mundo (EMBRAPA, 2011). O país apresenta uma das mais avançadas genética suína do mundo, sendo a alta qualidade e especificidade dos reprodutores (machos e fêmeas) utilizados nas granjas comerciais um dos segmentos de maior evolução (Holanda et al., 2005; Rohenkohl, 2009).

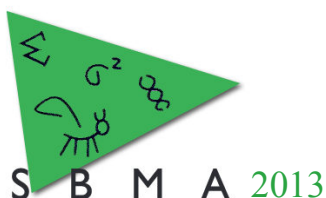
A eficiência dos programas de melhoramento depende da precisão com que os animais submetidos à seleção serão avaliados. No melhoramento animal, é importante a avaliação do valor genético com o objetivo de classificar, assim, os melhores indivíduos.

Portanto, objetivou-se com este estudo, avaliar as trajetórias genéticas do tamanho da leitegada de fêmeas Large White em função da ordem de parição por meio de modelos de regressão aleatória utilizando polinômios de Legendre de diferentes ordens e selecionar o modelo que apresentasse o melhor ajuste.

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 860 fêmeas com 2325 partos (2005 – 2010) e arquivo de pedigree com 1038 animais.

O tamanho da leitegada foi analisado por meio de modelos de regressão aleatória, por meio do programa Wombat (Meyer, 2007) e de polinômios ortogonais de Legendre, ajustados por funções de



diferentes ordens (2^a, 3^a, 4^a, 5^a e 6^a ordem) para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente e para a trajetória média da população:

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

em que: y é o vetor com o tamanho da leitegada dos animais; X é a matriz de incidência de feitos fixos; β 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; α 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; ρ 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 considerado homogêneo.

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 do logaritmo de verossimilhança (Log L), no modelo com ordem polinomial dois, ou seja, no modelo linear (Tabela 1). O menor valor de BIC também indicou o modelo que considerou o polinômio de Legendre de ordem dois (modelo linear), como o mais adequado para descrever a característica em estudo. Assim, o modelo adotado foi o que considerou as trajetórias média populacional e aleatórias genética aditiva e de ambiente permanente como lineares.

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

Ordem do polinômio de Legendre	Np	LogL	BIC
2	7	-3786,90	7597,36
3	13	-3782,70	7609,03
4	21	-3780,50	7631,60
5	31	-3778,40	7660,96
6	43	-3776,30	7697,04

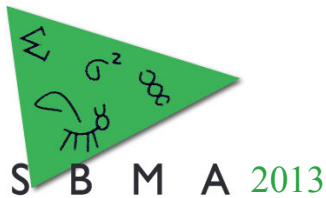
Observou-se que o coeficiente de regressão aleatória do intercepto (b_0) foi o que apresentou maior variância para o efeito genético aditivo direto e o coeficiente de regressão aleatória linear foi o que apresentou maior variância para o efeito de ambiente permanente (Tabela 2).

Tabela 2 - Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória (b_0 e b_1) e os autovalores da matriz dos coeficientes

Efeito genético aditivo direto			Efeito de ambiente permanente				
NLNV ^b ($k_a = 2$)			NLNV ^b ($k_p = 2$)				
	b_0	b_1	Autovalor (%)	b_0	b_1	Autovalor (%)	
b_0	5,002	0,806	97,05	b_0	0,042	0,713	90,75
b_1	1,264	0,492	2,95	b_1	0,057	0,150	9,25

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

As correlações entre o intercepto e o coeficiente linear foram positivas e altas para os dois efeitos aleatórios, indicando que, quanto mais próxima da unidade a correlação entre o intercepto e o coeficiente linear para o efeito genético aditivo direto, menor o será o reordenamento dos animais nas diferentes parições (Su et al., 2006). A magnitude da correlação (0,81) sugere que poucos animais têm



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

seu ordenamento genético alterado no decorrer das parições, portanto, os animais de maiores valores genéticos nas primeiras parições também apresentam maiores valores genéticos nas últimas parições, como pode ser observado na Figura 1.

O autovalor da função de covariância genética mostrou que o intercepto explicou 97,05% da variabilidade genética aditiva. Assim, 2,95% da variabilidade foram explicados pelas diferenças nas curvas genética individual das porcas. Esse autovalor também mostrou que o polinômio de Legendre linear com dois coeficientes de regressão (b_0 e b_1) foi suficiente para modelar quase toda variabilidade.

Com base nos valores genéticos para número de leitões nascidos vivos ao longo das seis primeiras parições foi realizada a seleção das 50 melhores matrizes e traçadas as trajetórias genéticas entre a primeira e a sexta parição (Figura 1).

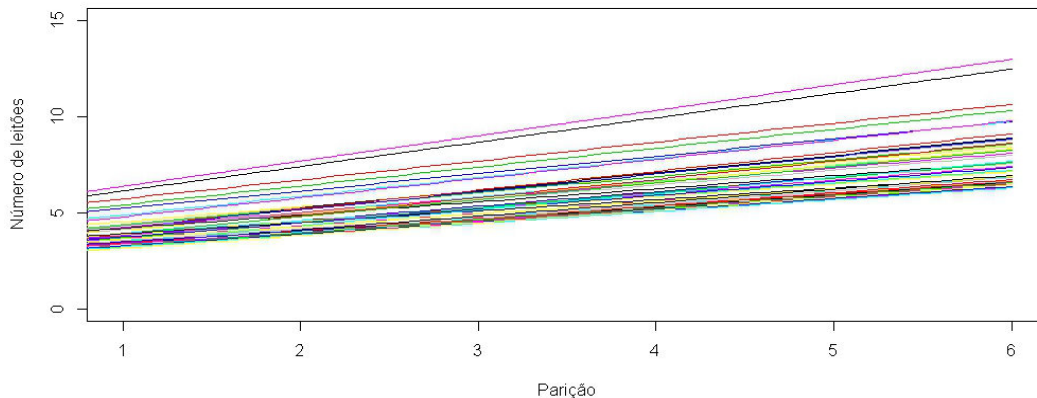


Figura 1 – Trajetória dos valores genéticos para número de leitões nascidos vivos em função da ordem de parição das 50 melhores matrizes.

Conclusões

Maiores ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção no tamanho da leitegada ao nascer de fêmeas primíparas.

Literatura citada

- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. 2011. **Anuário Estatístico – Suinocultura**. Central de Inteligência da Embrapa Suínos e Aves. Documentos 146. Concórdia-SC: 2011. 32p.
- HOLANDA, M.C.R. et al. Tamanho da leitegada e pesos médios, ao nascer e aos 21 dias de idade, de leitões da raça Large White. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.4, p.539-544, 2005.
- 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.
- ROHENKOHL, J.E. Dinâmica tecnológica e ambiente seletivo em genética de suínos. **Revista Brasileira de Inovação**, v.2, n.8, p.403-435, 2009.
- SU, G. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, n.7, p.1651-1657, 2006.