

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JULIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

MODELOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO TAMANHO DE
LEITEGADA EM SUÍNOS.

Davi Nogueira Maciel Alves

Orientador: Prof. Dr. Jeffrey Frederico Lui

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal.

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

Julho de 2007

Alves, Davi Nogueira Maciel
A474m Modelos para avaliação genética do tamanho de leitegada em
suínos / Davi Nogueira Maciel Alves. – – Jaboticabal, 2007
ix, 51 f. : 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2007
Orientador: Jeffrey Frederico Lui
Banca examinadora: Lúcia Galvão de Albuquerque, Lenira El
Faro Zadra.
Bibliografia

1. Melhoramento genético - Suínos. 2. Leitegada - Tamanho
Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082 : 636.4

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

DAVI NOGUEIRA MACIEL ALVES, nasceu na cidade de Pau dos Ferros – RN, no dia 11 de agosto de 1983. Fez o curso de Técnico em Agropecuária na Escola Agrotécnica Federal de Sousa, EAFS – PB, iniciado em 1998 e concluído em 2000. Em 2001 ingressou no curso de Zootecnia da Universidade Federal da Paraíba, concluindo em 2006. Neste ano iniciou o curso de mestrado em Genética e Melhoramento Animal. No dia 20 de julho de 2007, realizou a defesa de sua dissertação de mestrado.

**"Aprenda como se você fosse viver
para sempre. Viva como se você fosse
morrer amanhã."**

-- Mahatma Gandhi

A Deus pela força e inspiração que me deu todos os anos da minha vida.

A meus pais Maria Zélia Nogueira Maciel Alves e Sandoval Alves da Silva pela confiança depositada em mim e pelo apoio dado.

Aos meus avós maternos Luiz Nogueira da Silva (In memoriam) e Maria do Socorro Nogueira, e paternos Enoc Alves da Silva (In memoriam) e Maria Alves da Silva.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus pela iluminação e bênçãos concedidas durante toda a minha vida.

A minha família pelo o apoio e carinho dado ao longo da minha jornada. Em especial as minhas irmãs Sandra Nogueira Maciel Alves e Talita Nogueira Maciel Alves.

Ao professor Jeffrey Frederico Lui, pelos ensinamentos, amizade, confiança e respeito.

A professora Lúcia Galvão de Albuquerque, pela enorme ajuda, ensinamentos e paciência a mim concedidas, desde o início do trabalho.

À empresa Newsham Genetics, LC. Pela concessão dos dados que possibilitou a execução deste trabalho.

Ao Dr Fabiano Veraldo da Costa Pita pela imensa contribuição e apoio durante o trabalho.

Ao Dr. Humberto Tonhati, e a Dr Lenira El Faro Zadra, que contribuíram com sugestões relevantes para o trabalho nos exames de qualificação e defesa.

Ao CNPq, pela concessão da Bolsa.

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP pela oportunidade de ingressar no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal.

A todos os professores do FCAV-UNESP pelas lições ofertadas durante todo o curso.

A todos os funcionários do FCAV-UNESP.

Aos amigos Lindemberg, Marcos Jácome, Ronaldo, Marcos Yamaki, Arione Mônica, Annaiza, Fernanda, Fernanda Monsalves, Leonardo, Raul, Leonardo Pascoal, Josemir, Leilane, Aluska, Giovani, Roberta, Fernando, Marcos (Lasanha), Luciana, Fabiana, André, Fábio e Pedro pela amizade e apoio.

Aos amigos do CCA-UFPB Deodato, Sérgio Ricardo, Christiane, Lígia, Aderbal, Helton e Emanuel, pela amizade e apoio durante todos esses anos.

E a todos mais que contribuíram para chegar onde estou.

SUMÁRIO

	Página
Resumo	III
Summary	IV

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

Introdução	1
Objetivos	2
Revisão de Literatura	3
Tamanho de leitegada.....	3
Parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos.....	5
Modelos para avaliação genética.....	6
Modelos de repetibilidade.....	7
Modelos de Multi-características.....	7
Modelos de Regressão Aleatória.....	9

CAPITULO 2 - Estimativas de Parâmetros Genéticos Para o Tamanho de Leitegada de Suínos em Diferentes Parições.

Resumo	14
Introdução.....	15
Material e Métodos.....	16
Resultados e Discussão.....	18
Conclusões.....	26
Referências.....	27

**CAPITULO 3 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA NA
ESTIMAÇÃO PARÂMETROS GENÉTICOS PARA O TAMANHO DE
LEITEGADA DE SUÍNOS.**

Resumo	29
Introdução.....	30
Material e Métodos.....	31
Resultados e Discussão.....	37
Conclusões.....	50
Referências.....	50

MODELOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO TAMANHO DE LEITEGADA EM SUÍNOS.

RESUMO - Para estimar parâmetros genéticos para o número total de leitões nascidos (NLNT) e nascidos vivos (NLNV), empregaram-se modelos de repetibilidade, uni-características, bi-características, e de regressão aleatória (MRA). Os grupos de contemporâneos (GC) empregados nos três primeiros modelos foram: GC1 (granja-ano-época) GC2 (granja-ano-mês) e GC3 (granja-ano-semana) relacionados com local e data em que ocorreu a parição. Para NLNT e NLNV, a herdabilidade (h^2) estimada pelo modelo de repetibilidade foi de $0,09 \pm 0,02$. Nos modelos uni-características, a definição GC3 levou à estimativas mais elevadas nas ultimas partições. O modelo de repetibilidade com três classes de variâncias residuais foi o que apresentou melhor ajuste segundo o Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) e o Critério de Informação de Akaike (AIC), para ambas as características. Dois MRA adicionais também foram ajustados para ambas as características. Para NLNT, um MRA linear e um quadrático de rank 2, ambos com três classes de variâncias residuais. Para NLNV, o primeiro foi um MRA linear, o segundo foi um MRA linear (genética) e quadrática com rank 2 (ambiente permanente). As estimativas de herdabilidade obtidas pelos MRA foram menores que as para o modelo multi-característica. As correlações genéticas obtidas pelos MRA tenderam a diminuir com o decorrer das partições, para ambas características. As correlações genéticas entre ordens de parição, de maneira geral foram altas, indicando que ao selecionar-se para primeira ganhos genéticos podem ser obtidos nas partições subseqüentes.

Palavras-chave: Prolificidade, correlações genéticas, leitões.

MODELS FOR GENETIC EVALUATION OF THE LITTER SIZE IN SWINE.

SUMMARY - Repeatability, single-trait, multiple-trait (MTM) and random regression models (RRM) were used with the objective to estimate genetic parameters for the number of piglets born in total (NOBT) and the number of piglets born alive (NOBA). Three different structures of cotemporary groups were applied: CG1 (herd-year-season), CG2 (herd-year-monthly) e CG3 (herd-year-weekly). For NOBT and NOBA, the estimates of heritability by repeatability model, were 0.09 ± 0.02 . The estimates of heritability by single-trait model with CG3 definition were higher in 5th and 6th parities. The repeatability model with three classes of residual variances presented best fit. Two additional RRM were adjusted for both traits. For NOBT a linear and a quadratic RRM with rank 2, and three classes of residual variances, were utilized and for NOBA a linear RRM and Linear, for genetics effects, and quadratic with rank 2, for permanent environmental. The heritability estimates by RRM model were lower than MTM. The genetic correlations estimated by RRM tended to decrease over parities, for both traits. The genetics correlations were high among the most parities, indicating that the selection in the first parity will result in genetic gains in later parities.

Keywords: Number of piglets born, genetics correlations, reproductive traits.

CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES GERAIS

INTRODUÇÃO

Um sistema de produção agropecuário para ser mais eficiente e economicamente rentável sofre adequações e alterações de forma constante. Na produção de suínos não é diferente. Diversos estudos têm buscado aprimorar as formas de manejo, nutrição e reprodução, bem como aumentar o potencial genético dos animais.

O melhoramento genético de suínos é realizado com ênfase nas características de produção, de carcaça e reprodutivas. Dentre as reprodutivas o número de leitões nascidos por leitegada é o principal fator que determina a eficiência reprodutiva de um plantel, por isso tem recebido grande atenção por parte dos pesquisadores em melhoramento genético.

Por se repetir mais de uma vez na vida de uma matriz suína, o tamanho de leitegada entra na definição de dados longitudinais, cuja forma mais simples de se estimar parâmetros genéticos para este tipo de dados seria empregar um modelo de repetibilidade. No entanto, este modelo considera que as correlações genéticas entre as parições seja igual a unidade, ou seja, os mesmos genes controlam a característica no decorrer da vida do animal.

Como outra forma de análise pode-se considerar cada parição como uma característica distinta e empregar um modelo multi-característica de forma que as correlações são levadas em consideração. Porém não se adota nenhuma estrutura para modelar as covariâncias entre as diferentes parições e, à medida que se aumenta o número de parições a serem avaliadas, também se eleva o número de parâmetros a serem estimados podendo gerar problemas de ordem computacional.

Modelos de regressão aleatória, também, têm sido empregados na estimativa de parâmetros genéticos para dados longitudinais. Nestes modelos estima-se uma curva fixa para modelar a trajetória média da população e, no mínimo, mais duas curvas, uma para os efeitos aleatórios genéticos e outra para os efeitos de ambiente permanente. Implicitamente, se adota uma estrutura para modelar as covariâncias no decorrer do tempo. Além disso, se obtém uma melhor

utilização dos dados uma vez que todas as informações dos animais podem ser utilizadas. A aplicação destes modelos na avaliação genética de características de leitegada em suínos é uma possibilidade, no entanto, existem poucos trabalhos sobre o assunto.

Outro aspecto importante a ser considerado na estimação de parâmetros é a modelagem dos efeitos fixos. O tamanho de leitegada é uma característica complexa e influenciada por diversos fatores ambientais, sendo que o grupo de contemporâneos, normalmente, está presente na maioria dos estudos. A definição de grupos de contemporâneos mais utilizada para o número de leitões nascidos é a combinação da granja com o ano e a estação em que ocorreu a parição, porém um melhor detalhamento dos fatores ambientais pode ser obtido utilizando-se, ao invés da estação, o mês ou a semana do ano.

OBJETIVOS

O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para o número total de leitões nascidos e número de leitões nascidos vivos, empregando: Modelos de repetibilidade; modelos uni e bi-características; modelos de regressão aleatória e diferentes definições de grupos de contemporâneos, visando a identificação do modelo que melhor ajuste os dados, e consequentemente forneça as estimativas mais adequadas para avaliação genética destas características.

REVISÃO DE LITERATURA

Tamanho de Leitegada

O melhoramento genético se concentra em aumentar as frequências dos genes e genótipos desejáveis, por meio da seleção de indivíduos geneticamente superiores ou do acasalamento entre raças ou linhagens para obter ganhos devido a heterose.

A determinação das características a serem avaliadas é um passo fundamental para se estabelecerem estratégias na obtenção do maior ganho genético. Esse 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 suinocultura, bem como as associações existentes com outras de importância econômica. As características de importância para suinocultura podem ser divididas em três grupos: as características de produção, de carcaça e reprodutivas.

A eficiência reprodutiva, por um ponto de vista estritamente econômico, pode ser avaliada pelo número de leitões desmamados por porca por ano, que depende de uma série de eventos que atuam de forma conjunta. O tamanho da leitegada é uma característica que exerce grande influência sobre a eficiência reprodutiva, sendo por esse motivo, uma das que recebe mais atenção por parte dos pesquisadores em melhoramento animal.

O número total de leitões nascidos e o número de leitões nascidos vivos são as duas formas mais utilizadas para referenciar o tamanho de leitegada. A primeira é a resposta de todos os eventos desde a ovulação e concepção ao momento do parto. O número de leitões nascidos vivos reflete todos os aspectos inerentes ao número total de nascidos, mais os fatores ligados ao final da gestação e o momento do parto, que levam ao aparecimento de leitões natimortos.

Número de leitões nascidos é uma característica complexa e que pode ser afetada por vários fatores. FREITAS (1989) comenta sobre o efeito da raça, da ordem do parto, da idade da porca ao primeiro parto, do rebanho, da estação de parição e do ano de parição, bem como a capacidade uterina (PETRY & JOHNSON 2004).

A inclusão de características reprodutivas em programas de melhoramento genético de suínos ainda é uma dúvida por parte de alguns pesquisadores em melhoramento animal, em razão de suas baixas herdabilidades e por serem expressas tardiamente na vida do animal. Por outro lado, TORRES FILHO (2001) ressalta que, apesar da dificuldade de se trabalhar com características reprodutivas, em linhas maternas o tamanho e o peso da leitegada devem ser considerados na avaliação genética, devido a sua importância econômica. Neste sentido, JOHNSON (2000) descreve uma queda linear nos custos de produção de suínos nos EUA, durante o período de 1980 a 2000, atribuindo parte desta ao aumento da eficiência reprodutiva.

O progresso genético para o tamanho de leitegada é obtido a longo prazo (PIRES, 1999; IRGANG et al. 1997), o que pode ser explicado, além das baixas herdabilidades, pelo fato das características reprodutivas serem deixadas em segundo plano nos critérios de seleção. Apesar das baixas herdabilidades, trabalhos encontrados na literatura demonstram que o tamanho de leitegada responde a seleção, conforme é reportado por PETRY & JOHNSON (2004). Estes autores estimaram a resposta a seleção após 19 gerações em linhagem puras e em animais cruzados.

HOLL & ROBISON (2003), também obtiveram ganhos genéticos para tamanho de leitegada. Após 9 gerações de seleção foi estimada uma diferença significativa de 0,86 leitões nascidos por leitegada entre a linha controle e a selecionada, bem como uma diferença entre os valores genéticos médios de cada linha de 0,63 leitões.

Em um experimento de seleção para o tamanho de leitegada, iniciado em 1993 na Espanha, NOGUERA et al. (2002b), concluíram que, para esta característica, podem ser obtidos ganhos genéticos através de intensa seleção baseada nos valores genéticos obtidos por modelos mistos. Além disso, relatam que a resposta entre as parições foi heterogênea, sugerindo que cada parição é controlada por genes distintos.

Parâmetros Genéticos para Número de Leitões Nascidos

Para a execução bem sucedida de um programa de melhoramento genético é imprescindível conhecer as propriedades genéticas das populações, que são obtidas utilizando os componentes de variância, os quais podem ser estimados por vários métodos. Estes devem ser estimados de maneira precisa e acurada, para tanto, devem ser consideradas as especificidades de cada característica, levando em consideração os fatores fixos e aleatórios que afetam direta ou indiretamente a característica.

Dentre 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. A herdabilidade, definida como a porção da variação fenotípica total causada pela variação dos valores genéticos aditivos, é de fundamental importância para a definição dos métodos de melhoramento genético. As herdabilidades do tamanho de leitegada, encontradas na literatura, diferem de acordo com o modelo empregado. Algumas estimativas de h^2 para TL são mostrados na Tabela 1.

NOGUERA et al. (2002a) e LUKOVIC et al (2004) observaram um aumento nas estimativas de herdabilidade com o decorrer das parições. Já FERNÁNDEZ et al (2006), observaram uma elevação das estimativas até a terceira parição seguida de estabilidade.

A correlação fenotípica é a que pode ser mensurada diretamente a partir de medidas de duas características, em certo número de indivíduos na população. Esta correlação tem causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas devem ser utilizadas na orientação dos programas de melhoramento. Assim, em estudos genéticos, é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre as características.

Correlações genéticas encontradas na literatura para o número de leitões nascidos vivos estão dispostas na Tabela 2. De acordo com as estimativas obtidas por NOGUERA et al. (2002a), as correlações genéticas entre as parições de ordens mais distantes tendem a ser menores que entre parições mais próximas. No entanto valores de correlação iguais a 1 foram encontrados por ROEHE & KENNEDY (1995), entre a primeira e a quarta parição em análises bi-características, sendo, segundo os autores, explicado pela subestimação da variância genética na primeira parição.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade para tamanho de leitegada obtida por diferentes modelos de análise em alguns países.

País	h^2	Referência
Multi-características		
Canadá	0,07; 0,11; 0,09; 0,12	ROEHE & KENNEDY (1995)
Espanha	0,06; 0,07; 0,09; 0,13; 0,12; 0,14.	NOGUERA et al. (2002a)
Repetibilidade		
Eslovênia	0,13	LOGAR et al. (1999)
USA	0,08-0,10	CHEN et al. (2003)
Brasil	0,03 – 0,16	PIRES et al. (2000)
Dinamarca	0,10-0,14	ESTANY & SORENSEN (1995)
Regressão Aleatória		
Eslovênia	0,09; 0,06; 0,07; 0,08; 0,08; 0,08.	LUKOVIC et al. (2007)
Espanha	0,05; 0,08; 0,10; 0,10; 0,09; 0,10	FERNÁNDEZ et al (2006)

^a Herdabilidades estimadas para diferentes partições, separadas por “;”, ou seja, 1^a; 2^a;... ;4^a ou 6^a partição.

Tabela 2. Estimativas das correlações genéticas entre partições encontradas na literatura para número de leitões nascidos vivos e análises multi-características.

Par _i -Par _j ^a	r_a	Referências
1-2	0,58-0,84	ROEHE & KENNEDY (1995); NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
1-3	0,59-0,99	ROEHE & KENNEDY (1995); NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
1-4	0,51-1,00	ROEHE & KENNEDY (1995); NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
1-5	0,66-0,67	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al. (2004)
1-6	0,49-0,68	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al. (2004)
2-3	0,82-0,88	ROEHE & KENNEDY (1995); NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
2-4	0,59-0,76	ROEHE & KENNEDY (1995); NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
2-5	0,66-0,81	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al. (2004)
2-6	0,65-0,85	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al.(2004)
3-4	0,88-1,00	ROEHE & KENNEDY (1995); NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
3-5	0,83-0,85	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
3-6	0,59-0,85	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
4-5	0,88-0,95	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
4-6	0,53-0,88	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)
5-6	0,58-0,99	NOGUERA et al. (2002a); LUKOVIC et al (2004)

^a Par_i-Par_j = Comparação entre as partições i e j para i < j;

Utilizando modelos de regressão aleatória ajustando polinômios ortogonais de Legendre de ordem 3, LUKOVIC et al (2004), encontraram um padrão similar ao divulgado por NOGUERA et al. (2002a). Valores também similares foram encontrados por FERNÁNDEZ et al (2006), ao ajustar polinômios ortogonais da parição de ordem 3 (quadrática).

Os valores de correlação genética encontrados na literatura indicam diferenças no controle genético entre as diferentes partições, uma vez que valores inferiores a 0,80 foram encontrados.

Modelos para Avaliação Genética

Para a interpretação dos dados em estudo, as observações são descritas em modelos matemáticos, que as fundamentam. O modelo pode ser classificado como fixo, aleatório ou misto, dependendo dos efeitos que nele são explicitados. Os modelos mistos que contêm tanto efeitos fixos como aleatórios são os mais utilizados no melhoramento animal.

A metodologia dos modelos mistos possibilita modelar simultaneamente efeitos fixos e aleatórios, possibilitando dessa forma pode-se obter as soluções BLUE (Melhor Estimador Linear Não-Viesado) e os BLUP (Melhor Preditor Linear Não-Viesado).

A metodologia de modelos mistos, aplicado sob modelo animal, para avaliação genética de suínos tem sido empregada e recomendada por vários pesquisadores em melhoramento animal (LOPES, 1994; TORRES Jr., 1996). Ela tem sido indicada por fornecer estimativas não viesadas de efeitos genéticos, comuns ou permanentes de ambiente e de grupo de animais, efeitos maternos e de endogamia, efeitos de seleção, dentre outros.

O conhecimento prévio dos componentes de variância e covariância é necessário na predição dos valores genéticos, quando se faz uso de métodos de predição como o BLUP (melhor predição linear não-viesada). Estes componentes não são, geralmente, conhecidos, mas podem ser estimados por vários métodos, dentre eles o da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é recomendado para modelos lineares mistos e dados desbalanceados.

O tamanho da leitegada é uma característica que, normalmente, é mensurada mais de uma vez durante a vida das matrizes suínas, por isso se enquadra na definição de dados longitudinais. A avaliação genética para o tamanho da leitegada em suínos tem sido realizada de diversas formas, sendo encontrados normalmente trabalhos utilizando modelos de repetibilidade, modelos multi-características e, mais recentemente, modelos de regressão aleatória.

Modelos de Repetibilidade

O Modelo de Repetibilidade é a forma mais simples de se avaliar dados longitudinais, ele assume que todas as medidas ao longo do tempo são a mesma característica. Este modelo tem sido muito utilizado para avaliar parâmetros genéticos para o tamanho de leitegada em vários países, como: Eslovênia (LOGAR et al., 1999) e Estados Unidos (CHEM et al., 2003). Entretanto pressupõe-se que as correlações entre as medidas repetidas seja igual a 1, portanto, todas as covariâncias genéticas e fenotípicas entre as diferentes medidas são de mesma magnitude, ou seja, assume-se que os mesmos genes controlam o desempenho ao longo do tempo.

Modelos Multi-características

Características longitudinais podem ser analisadas, também, por meio de modelos uni ou multi-características. Nesses modelos assume-se que cada parição é uma característica distinta, ou seja, as covariâncias entre as diferentes partições variam e as correlações podem ser diferentes da unidade. Dessa maneira, as correlações são levadas em consideração na análise, mas não é feita qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias. Outro ponto importante neste tipo de análise, é que o número de parâmetros a ser estimado cresce acentuadamente com aumento do número de características.

Estes modelos foram empregados para estimar parâmetros para o tamanho de leitegada em diferentes partições por ROEHE & KENNEDY (1995), NOGUERA et al. (2002a), SERENIUS et al. (2003).

Modelos de Regressão Aleatória

Dados longitudinais necessitam de um tratamento estatístico especial, uma vez que, o padrão de covariâncias entre as medidas repetidas é bem estruturado, e para que se possam fazer inferências sobre este tipo de dados é importante modelar esta estrutura de covariâncias (VAN DE WERF E SCHAEFFER, 1997).

Como solução para este problema, pode-se modelar dados longitudinais através da aplicação de modelos de regressão aleatória. Em comparação com os tradicionais modelos animais (repetibilidade e multi-características), ao se ajustar um modelo de regressão aleatória assume-se, implicitamente, uma determinada estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória, que é imposta pelo modelo de regressão aleatória escolhido. Estes modelos permitem uma melhor utilização dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para a avaliação do mesmo, com um potencial para um aumento da acurácia de seleção (ALBUQUERQUE, 2004).

Modelos de regressão aleatória têm sido empregados para avaliações genéticas de bovinos de leiteiros em vários países, como Holanda, Alemanha, Áustria e Canadá (INTERBULL, 2007). No Brasil estes modelos têm sido aplicados em trabalhos de pesquisa, com maior intensidade, a dados de bovinos leiteiros (EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; COBUCI et al., 2004), de bovinos de corte (NOBRE et al. 2003), em ovinos de corte (SARMENTO 2003). Em suínos existem na literatura trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória para descrever curvas de crescimento (HUISMAN et al., 2002), e para ingestão de alimentos de suínos em crescimento (SCHNYDER et al., 2001).

Recentemente, LUCOVIC et al. (2004) na Eslovênia, e FERNÁNDEZ et al. (2006), na Espanha, utilizaram modelos de regressão aleatória para estimar parâmetros genéticos, para o número de leitões nascidos vivos, em função da ordem do parto. Estes autores concluíram que os modelos de regressão aleatória podem ser usados para estimar parâmetros genéticos para o tamanho de leitegada em suínos. Mesmo assim, existem poucos estudos a respeito da aplicação destes modelos na avaliação genética para o tamanho de leitegada em suínos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5, 2004, Pirassununga, SP, **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004, (CD-ROM).

CHEN, P.; BAAS, T.J.; MABRY, J.W.; Dekkers, J. C. M.; Koehler, K. J. Genetic parameters and trends for litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. **Journal of Animal Science**, v.81, p.46-53, 2003.

COBUCI, J.A.; EUCLYDES, R.F.; COSTA, C.N.; LOPES, P.S.; TORRES, R. de A.; PEREIRA, C.S.. Analise de persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando a produção de leite no dia do controle e modelos de regressão aleatória. **Revista brasileira de zootecnia**. v. 33, n.3, p.546-554, 2004.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

ESTANY, J.; SORENSEN, D.. Estimation of genetic parameters analysis for litter size in Danish Landrace and Yorkshire pigs. **Journal of Animal Science**. v.60, p315–324, 1995.

FERNÁNDEZ, A.; RODRIGÁÑEZ, J.; RODRÍGUEZ, M.C.; SILIÓ, L.. Genetic evaluation of litter size for multiple parities in iberian pigs. In.: World congress on genetics applied to livestock production, 8., 2006, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production., [2006] (CD_ROM).

FREITAS, R.T.F. de. **Estudo de características reprodutivas em matrizes de criações de suínos no sul do estado de Minas Gerais**. Lavras: Escola Superior de Agricultura de lavras, 1989. 90p. Tese (Mestrado em Produção Animal) – Escola Superior de Agricultura de lavras, 1989.

HOLL, J.W.; ROBISON, O.W. Results from nine generations of selection for increased litter size in swine. **Journal Animal Science**, v.81, p.624-629, 2003.

HUISMAN, A.E.; VEERKAMP, R.F.; VAN ARENDONK, J.A.M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.575-582, 2002.

IRGANG, R.; FÁVERO, J.A.; MEDEIROS, G. Tendências fenotípicas e genéticas do número de leitões nascidos vivos em porcas Landrace e Large White. In: Reunião Anual da Soc. Bras. Zoot., 1997, Juiz de Fora – MG. Anais... Juiz de F ora:SBZ,1997, p.320-323.

INTERBULL (International Bull Evaluation Service). 2007. Disponível em: < http://www-interbull.slu.se/national_ges_info2/framesida-ges.htm> acessado em: 21/06/2007.

JOHNSON, R. History of Litter Size Selection. 2000. Disponível em: < <http://mark.asci.ncsu.edu/nsif/00proc/johnson.htm>> acessado em: 19/06/2007.

LOGAR, B.; KOVAČ, M.; MALOVRH, Š.. Estimation of genetic parameters for litter size in pigs from different genetic groups. **Acta Agrarian Kaposváriensis**. v.3, n.2, p.135-143.

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.

LUKOVIC, Z.; UREMOVIC, M.; KONJACIC, M.; UREMOVIC, Z.; VINCEK, D.. Genetic parameters for litter size in pigs using a random regression model. **Asian-Australas. Journal Animal Science**. v.20, n.2, p.160-165, 2007.

LUKOVIC, Z.; MALOVRH, S.; GORJANC, G. KOVAČ, M. A random regression model in analysis of litter size in pigs. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.4, p.241-247, 2004.

NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J.K.; SILVA, L.O.C.; LOPES, P.S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003

NOGUERA, J. L.; VARONA, L.; BABOT, D.; ESTANY, J. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. **Journal of Animal Science**. v.80, p.2540–2547, 2002a

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

PETRY, D. B.; JOHNSON, R. K. Responses to 19 generations of litter size selection in the Nebraska Index line. I. Reproductive responses estimated in pure line and crossbred litters. **Journal of Animal Science**. v.82, p.1000–1006, 2004.

PIRES, A.V. **Avaliação genética de características reprodutivas em suínos**. Viçosa, MG: UFV, 1999. 83p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1999.

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

ROEHE, R.; KENNEDY, B. W. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. **Journal of Animal Science**, v.73, p.2959–2970, 1995.

SARMENTO, J.L.R. **Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003. 67p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2003.

SCHNYDER, U.; HOFER, A.; KÜNZI. Impact of variation in length of individual testing periods on estimation of (co)variance components of a random regression model for feed intake of growing pigs. **Journal Animal Breeding Genetics**. v.118, p.235-246. 2001.

SERENIUS, T., SEVÓN-AIMONEN, M.-L.; MÄNTYSAARI, E. A. Effect of service sire and validity of repeatability model in litter size and farrowing interval of Finnish Landrace and Large White populations. **Livestock Production Science**, v.8, p.213–222, 2003.

TORRES FILHO, R.A. **Avaliação genética de características de desempenho e reprodutivas em suínos**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 79p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2001.

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.

VAN der WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random regression in animal breeding**. Course Notes, Ontario: University of Guelph, 70p., 1997

CAPITULO 2 – ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA O TAMANHO DE LEITEGADA DE SUÍNOS EM DIFERENTES PARIÇÕES

Estimativas de Parâmetros Genéticos Para o Tamanho de Leitegada de Suínos em Diferentes Parições.

Resumo- Dados de 7888 leitegadas foram utilizados para estimar componentes de (co)variância para o número total de leitões (NLNT) e para o número de leitões nascidos vivos (NLNV). Foram utilizados modelos uni e bi-características considerando cada parição como uma característica distinta e modelos de repetibilidade. Três definições de grupos de contemporâneos foram empregadas de acordo com o local e a o período do ano em que ocorreu a parição: GC1 (granja-ano-época), GC2 (granja-ano-mês) e GC3 (granja-ano-semana). De maneira geral, as herdabilidades foram baixas. Para os modelos de repetibilidade, a definição GC3 apresentou coeficientes de determinação mais elevados, porém houve pouca divergência entre as estimativas de variâncias obtidas com diferentes definições de grupos de contemporâneos, não alterando a magnitude das herdabilidades. Diferenças acentuadas foram obtidas nos modelos uni e bi-características, sendo que a definição GC3 levou a estimativas de h^2 mais elevadas nas últimas parições. As estimativas obtidas com as definições GC1 e GC2 pouco divergiram. As variâncias residuais foram diferentes entre as parições, sendo que na segunda parição foram obtidos valores maiores para esta estimativa. Até a quarta parição as herdabilidades estimadas pelo modelo uni-característica não divergiram muito das obtidas pelo de repetibilidade. Altas correlações foram obtidas entre parições adjacentes indicando que selecionando para a primeira parição ganhos genéticos podem ser obtidos nas demais.

Palavras-chaves: Correlações genéticas, prolificidade, efeitos fixos.

INTRODUÇÃO

O tamanho de leitegada pode ser considerado como o principal fator que determina a eficiência reprodutiva de um plantel suíno, sendo uma das características que recebem maior atenção por parte dos pesquisadores em melhoramento animal. Apesar das baixas herdabilidades, como a maioria das características reprodutivas, o tamanho de leitegada responde à seleção (PETRY & JOHNSON 2004), sendo empregada como objetivo e critério de seleção em linhas maternas.

Normalmente, uma matriz suína tem mais de uma parição durante o decorrer de sua vida produtiva. Dessa forma, o número de leitões nascidos se enquadra na definição de dados longitudinais. A maneira mais comum de se estimar os componentes de variância para este tipo de dados é a utilização de um modelo de repetibilidade, admitindo que as correlações entre diferentes partições sejam iguais a unidade, ou seja, que os mesmos genes controlam a característica em todas as partições.

Modelos uni e multi-características também tem sido utilizados para estimar parâmetros genéticos para o tamanho da leitegada ao nascer em suínos analisando cada parição como uma característica distinta. Os modelos multi-características levam em consideração a correlação entre as características, no entanto não se emprega qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias entre elas. Trabalhos empregando tais modelos, entre eles o publicado por NOGUERA et al. (2002), sugerem que o tamanho de leitegada em cada parição possui uma base genética distinta, de forma que o modelo de repetibilidade pode não ser o mais adequado para esta característica.

Com relação aos efeitos fixos a serem incluídos no modelo, BABOT et al. (2003), levantaram a questão da definição de grupos de contemporâneos. Usualmente emprega-se a combinação do rebanho, com o ano e com a estação em que ocorreu a parição. Um maior detalhamento dos fatores ambientais pode ser obtido considerando ao invés da estação, o mês ou a semana do ano em que ocorreu a parição.

São escassos na literatura estudos considerando cada parição como uma característica distinta, bem como o emprego de diferentes definições de grupos de contemporâneos na análise para o número de leitões nascidos. Dessa forma, o

presente trabalho teve por objetivo estimar os componentes de variância para o número total de leitões nascidos e número de leitões nascidos vivos, por meio de modelos de repetibilidade, uni e bi-características, considerando diferentes definições de grupos de contemporâneos.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de duas linhagens maternas Newsham[®]. Foram registrados entre janeiro de 2004 e setembro de 2006, em duas granjas núcleo americanas localizadas uma no estado de Wyoming e a outra no Kansas. Ambas as granjas alojavam animais das duas linhagens.

Foram estudadas as características número total de leitões nascidos vivos (NLNT) e número de leitões nascidos vivos (NLNV). O arquivo original continha informações de 7888 leitegadas. Este foi editado de forma que só foram consideradas leitegadas que tivessem no mínimo 1 e no Máximo 22 leitões, e grupos de contemporâneos com no mínimo 5 observações, bem como só foram considerados dados até a sexta parição. O número médio de partições por matriz foi de 1,99.

Foram avaliadas três definições de grupos de contemporâneos (GCs). A primeira, GC1, foi constituída pela combinação do rebanho, ano e época em que ocorreu a parição. As épocas foram agrupadas a cada três meses, sendo: janeiro a março (época 1); abril a junho (época 2); julho-setembro (época 3) e outubro a dezembro (época 4). A segunda definição, GC2, engloba o rebanho, ano e mês em que ocorreu a parição. Já a definição GC3, foi formada pelo rebanho, ano e semana em que ocorreu a parição. O número de GCs em cada parição pode ser observado na Tabela 1.

Tabela 1. Resumo da distribuição dos dados entre parições e número de grupos de cada definição de contemporâneos (GC), em cada parição.

Parição	Informações					
	GC1 ^a		GC2		GC3	
	Nº de obs.	Nº GC	Nº de obs.	Nº GC	Nº de obs.	Nº GC
Repetibilidade	7314	17	7314	49	7303	211
1	2356	17	2356	48	2228	158
2	1563	16	1554	41	1417	122
3	1240	14	1237	39	1092	100
4	899	13	894	34	741	83
5	666	11	663	31	473	62
6	590	10	587	28	424	54

^a GC1 (Granja-ano-época da parição), GC2 (Granja-ano-mês da parição) e GC3 (Granja-ano-semana da parição);

Análises

Utilizou-se o pacote estatístico SAS, Statistical Analysis System (User's..., 1999), na consistência dos arquivos e nas análises de variância, utilizando para estas o procedimento GLM. Para as estimativas de componentes de variância, inicialmente, foram utilizados modelos de repetibilidade, em seguida considerou-se cada parição como uma característica distinta em modelos uni e bi-características. O Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) foi empregado para estimação dos componentes de variância utilizando o programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995). Os parâmetros genéticos estimados para cada modelo foram utilizados para inspecionar divergências entre as definições de grupos de contemporâneos.

Como efeitos fixos, para todos os modelos, foram considerados a linhagem da matriz e o grupo de contemporâneos. Além destes, para os modelos de repetibilidade, o efeito da ordem de parição foi incluído no modelo, considerando cada parição como uma classe.

O modelo de repetibilidade pode ser representado na forma matricial por:

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

Assumindo que:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \text{ e } V \begin{bmatrix} a \\ p \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_\varepsilon^2 \end{bmatrix}$$

Onde: y é o vetor de observações dos animais; β é o vetor de efeitos fixos; a , p e ε são os vetores de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos, de efeitos de ambiente permanente e de efeitos 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.

Os modelos uni e bi-características podem ser representados similarmente ao modelo de repetibilidade desconsiderando o efeito de ambiente permanente. Sendo que para os modelos bi-características são feitas as seguintes pressuposições:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_0 \otimes A & 0 \\ 0 & R_0 \otimes I \end{bmatrix}$$

Onde: $G_0 \otimes A$ e $R_0 \otimes I$ são as matrizes de (co)variâncias genéticas aditivas diretas e residuais, respectivamente. Para as análises uni-características as pressuposições são similares com: $V(a) = A\sigma_a^2$ e $V(e) = I\sigma_e^2$.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estatísticas descritivas

As médias e os respectivos desvios-padrão, bem como o coeficiente de variação, para as características estudadas podem ser vistos na Tabela 2. Estes valores foram obtidos antes de se realizar as restrições para grupos de contemporâneos. Observa-se que a média para número de leitões nascidos, tanto no total como vivos, sofre um leve aumento no decorrer das parições, com uma pequena diminuição na sexta parição, mais evidenciado para o número de leitões nascidos vivos. Os coeficientes de variação indicam que existe variabilidade dentro das parições, sendo que a segunda parição apresentou CVs mais elevados.

Tabela 2. Número de observações, média, desvio padrão (Dp) e coeficiente de variação (CV) por parição, para as características estudadas.

Parições	Parâmetros			
	Nº de obs	Média	Dp	CV(%)
NLNT ^a				
Repetibilidade	7314	11,72	3,40	29,06
1	2356	11,45	3,34	29,19
2	1563	11,55	3,54	30,69
3	1240	11,96	3,43	28,70
4	899	11,96	3,29	27,49
5	666	12,00	3,32	27,68
6	590	12,01	3,38	28,13
NLNV ^b				
Repetibilidade	7314	10,97	3,20	29,22
1	2356	10,71	3,21	29,99
2	1563	10,84	3,33	30,70
3	1240	11,18	3,14	28,07
4	899	11,20	3,09	27,59
5	666	11,25	3,12	27,72
6	590	11,19	3,16	28,21

^a Número total de leitões nascidos;^b Número de leitões nascidos vivos.

Efeitos Fixos

Um resumo das análises de variâncias, e os respectivos coeficientes de determinação (R^2) estão apresentados na Tabela 3. A estrutura de grupos de contemporâneos formada pela combinação granja-ano-semana em que ocorreu a parição, GC3, apresentou menores valores para o quadrado médio do resíduo que para as demais, bem como maiores valores de R^2 . No entanto, as diferenças entre os quadrados médios do resíduo foram pequenas.

Tabela 3. Resumo da análise de variância, e respectivos coeficientes de determinação para as diferentes definições de grupo de contemporâneos.

Característica ^a	Definição de GC ^b	Quadrados médios ^c				R ²
		GC	Parição	Linha genética	Resíduo	
NLNT	GC1	96,18**	225,92**	385,21**	11,19	0,04
	GC2	45,33**	230,19**	340,58**	11,15	0,05
	GC3	20,40**	222,36**	340,12**	11,11	0,07
NLNV	GC1	38,92**	135,72**	158,35**	10,12	0,02
	GC2	26,06**	137,98**	122,10**	10,07	0,03
	GC3	14,64**	130,70**	112,22**	10,04	0,05

^a NLNT (número total de leitões nascidos) e NLNV (número de leitões nascidos vivos);

^b GC1 (Granja-ano-época da parição), GC2 (Granja-ano-mês da parição) e GC3 (Granja-ano-semana da parição);

^c Resíduo com 7291, 7259 e 7086 graus de liberdade para GC1, GC2 e GC3, respectivamente.

** significativo $p < 0,01$

Para todas as parições a definição GC3, granja-ano-semana, para grupo de contemporâneos apresentou maiores valores para o coeficiente de determinação, sendo que estas diferenças acentuam-se com o decorrer das parições (Tabela 4). Entretanto, não se observa diminuição do quadrado médio do resíduo, nas parições 1, 3 e 4, para NLNT, diminuições pouco expressivas ocorreram nas demais parições. Para NLNV ocorreu uma pequena diminuição somente na quinta parição. Considerações similares podem ser feitas a respeito da definição GC2 para os grupos de contemporâneos, de forma que não foram observadas grandes alterações nos quadrados médios dos resíduos.

O aumento dos coeficientes de determinação, nas definições GC2 e GC3, está ligado a um aumento na soma de quadrados do modelo, e a uma diminuição da soma de quadrados do resíduo. No entanto, com o maior detalhamento dos fatores ambientais, como era de se esperar, houve um aumento no número de graus de liberdade do modelo em detrimento do número de graus de liberdade do resíduo. Isso explica a pequena diminuição dos quadrados médio desta fonte de variação.

Tabela 4. Quadrados médio do resíduo (QMR) e coeficientes de determinação (R^2) para as características, nas diferentes parições, em cada definição de grupos de contemporâneos (GC).

Parição	Definição de GC ^a	NLNT		NLNV	
		QMR	R^2	QMR	R^2
1	GC1	10,52	0,07	10,08	0,03
	GC2	10,55	0,08	10,09	0,04
	GC3	10,65	0,12	10,22	0,09
2	GC1	12,07	0,05	10,90	0,03
	GC2	11,88	0,08	10,74	0,05
	GC3	11,59	0,15	10,59	0,12
3	GC1	11,62	0,03	9,84	0,01
	GC2	11,56	0,05	9,77	0,04
	GC3	11,88	0,11	9,93	0,10
4	GC1	10,72	0,02	9,43	0,03
	GC2	10,85	0,04	9,55	0,04
	GC3	10,79	0,11	9,46	0,11
5	GC1	10,94	0,03	9,65	0,02
	GC2	10,78	0,06	9,46	0,07
	GC3	10,25	0,14	9,10	0,15
6	GC1	11,12	0,04	9,72	0,04
	GC2	11,15	0,07	9,70	0,08
	GC3	10,58	0,15	9,81	0,14

NLNT (número total de leitões nascidos) e NLNV (número de leitões nascidos vivos);

^a GC1 (Granja-ano-época da parição), GC2 (Granja-ano-mês da parição) e GC3 (Granja-ano-semana da parição);

Modelo de Repetibilidade

As estimativas de variâncias genéticas, de ambiente permanente e residuais, herdabilidades e a proporção da variação devido aos efeitos de ambiente permanente, estão dispostas na Tabela 5. As herdabilidades estimadas foram baixas, próximas as encontradas literatura (ESTANY & SORENSEN, 1995; LOGAR et al. 1999; SERENIUS et al. 2003), e não divergiram entre as características, bem como entre as estruturas de grupos de contemporâneos.

A definição GC3 acarretou em uma leve diminuição na estimativa das variâncias residuais, porém, também houve uma diminuição no valor das variâncias genéticas e de ambiente permanente, o que provavelmente foi o motivo da não diferença entre as herdabilidades. De forma similar pode-se explicar a não divergência das herdabilidades entre as características. BABOT et al. (2003), comparando diferentes estruturas de grupos de contemporâneos, também não encontraram

diferenças nas estimativas de herdabilidades entre as definições granja-ano-época, granja-ano-mês e granja-ano-semana.

Tabela 5. Estimativas das variâncias genética (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_p) e residual (σ^2_e), herdabilidade (h^2) e proporção da variação devido aos efeitos de ambiente permanente (p^2), bem como os respectivos erros-padrão (entre parênteses), obtidas por modelos de repetibilidade com diferentes definições de grupo de contemporâneos.

Característica ^a	Definição de GC ^b	Componentes de variância				
		σ^2_a	σ^2_p	σ^2_e	h^2	p^2
NLNT	GC1	1,00	1,01	9,22	0,09 (0,02)	0,09 (0,02)
	GC2	0,99	0,98	9,22	0,09 (0,02)	0,09 (0,02)
	GC3	0,98	0,99	9,17	0,09 (0,02)	0,09 (0,02)
NLNV	GC1	0,93	0,81	10,06	0,09 (0,02)	0,08 (0,02)
	GC2	0,90	0,81	8,30	0,09 (0,02)	0,08 (0,02)
	GC3	0,89	0,83	8,26	0,09 (0,02)	0,09 (0,02)

^a NLNT (número total de leitões nascidos) e NLNV (número de leitões nascidos vivos);

^b GC1 (Granja-ano-época da parição), GC2 (Granja-ano-mês da parição) e GC3 (Granja-ano-semana da parição);

Modelos uni e bi-características

Os componentes de variância estimados pela análise uni-característica mostraram discrepâncias, principalmente nas últimas partições, entre GC3 e as definições de grupos de contemporâneos GC1 e GC2, que pouco divergiram (Tabela 6). Tanto para NLNT como para NLNV, quando utilizado GC1 foram encontrados pequenos valores para a variância genética na sexta parição e conseqüentemente foi apresentado um menor valor de herdabilidade, da mesma forma que para GC2. Para GC3, houve um aumento nas estimativas de variância genéticas, acarretando em herdabilidades com maiores valores, na quinta e sexta parição. Observa-se um aumento no erro padrão da herdabilidade a cada parição, independente da definição GCs, provavelmente ligado a diminuição do número de observações da primeira até a sexta parição (Tabela 1). Salienta-se que para GC3, os valores do erro padrão da herdabilidade foram maiores que para GC1 e GC2, nas partições 5 e 6.

O maior detalhamento dos fatores ambientais obtido na utilização da definição GC3 para grupos de contemporâneos, levou à estimativas acima do esperado nas últimas partições. Isso pode ser explicado pela diminuição do número de observações por grupo, que pode ter afetado a estimativa desse efeito.

As estimativas de herdabilidade encontradas neste estudo pouco diferiram da primeira à quinta parição para NLNT, da primeira à quarta para NLNV, quando considerado GC1 ou GC2. NOGUERA et al. (2002), estimando parâmetros genéticos para diferentes partições, observaram um aumento no valor da herdabilidade com o decorrer das partições, consequência do também aumento das variâncias genéticas.

Tabela 6. Estimativas das variâncias genética (σ^2_a), e residual (σ^2_e), herdabilidades (h^2) e respectivos desvios padrão (entre parênteses), em cada parição com diferentes definições de grupo de contemporâneos, usando análises uni-características.

Parição	GC1 ^b			GC2 ^b			GC3 ^b		
	σ^2_a	σ^2_e	h^2	σ^2_a	σ^2_e	h^2	σ^2_a	σ^2_e	h^2
NLNT ^a									
1	1,13	9,42	0,11 (0,04)	1,16	9,44	0,11 (0,04)	1,52	9,20	0,14 (0,05)
2	1,20	10,90	0,10 (0,05)	1,24	10,67	0,10 (0,05)	0,99	10,61	0,09 (0,05)
3	1,31	10,34	0,11 (0,06)	1,29	10,30	0,11 (0,06)	1,25	10,66	0,11 (0,07)
4	0,82	9,92	0,08 (0,07)	0,90	9,96	0,08 (0,07)	0,65	10,15	0,06 (0,08)
5	1,18	9,79	0,11 (0,09)	1,00	9,80	0,09 (0,09)	2,28	8,06	0,22 (0,15)
6	0,62	10,51	0,06 (0,09)	0,36	10,80	0,03 (0,09)	2,08	8,56	0,20 (0,15)
NLNV ^a									
1	1,18	8,76	0,12 (0,04)	1,20	8,75	0,12 (0,04)	1,55	8,53	0,15 (0,05)
2	0,97	9,87	0,09 (0,05)	1,00	9,69	0,09 (0,05)	0,92	9,62	0,09 (0,05)
3	1,20	8,58	0,12 (0,06)	1,20	8,50	0,12 (0,06)	0,95	8,92	0,10 (0,07)
4	0,64	8,69	0,07 (0,07)	0,66	8,80	0,07 (0,07)	0,49	8,81	0,05 (0,08)
5	1,67	8,00	0,17 (0,09)	1,42	8,06	0,15 (0,09)	3,05	6,15	0,33 (0,15)
6	0,37	9,36	0,04 (0,09)	0,14	9,56	0,01 (0,09)	1,89	7,97	0,19 (0,15)

^a NLNT (número total de leitões nascidos) e NLNV (número de leitões nascidos vivos);

^b GC1 (Granja-ano-época da parição), GC2 (Granja-ano-mês da parição) e GC3 (Granja-ano-semana da parição);

As variâncias residuais mostraram-se diferentes entre as partições (Tabela 6) apresentando maiores valores na segunda parição, tanto para NLNV como para NLNT, declinando até a quinta parição, e apresentando uma elevação na sexta. Nota-se que até a quarta parição as estimativas entre as definições de grupo de contemporâneos pouco diferiram. A heterogeneidade de variâncias residuais pode afetar avaliação genética, tendendo a seleção equivocada de animais, quando não considerada nas avaliações genéticas.

Uma desvantagem dos modelos multi-características, quando são analisados dados longitudinais, seria o fato não se subdividir a variância residual em variância de ambiente permanente e temporário, o que acarretaria em um melhor detalhamento dos fatores que afetam as características estudadas.

As covariâncias e correlações genéticas, e a média das herdabilidades obtidas nas análises bi-características estão dispostas nas Tabelas 7, 8 e 9, referentes às diferentes definições de GC. As herdabilidades divergiram pouco em relação às obtidas nas análises uni-características. De forma similar as estimativas herdabilidades obtidas para as duas ultimas parições, foram mais elevadas quando se considerou GC3, do que nas análises em que foi considerado GC1 ou GC2,

As correlações genéticas oscilaram de 0,15 a 1 para NLNT e de 0,31 a 1 para NLNV quando considerou-se GC1. De 0,21 a 1 para NLNT e de 0,22 a 1 para NLNV quando considerou-se GC2. Para as análises com GC3 as correlações oscilaram de 0,31 a 1 para NLNT e de -0,06 a 1 para NLNV.

Nas análises bi-características não se pode observar um padrão entre as correlações genéticas entre as diferentes parições, diferente das estimativas obtidas por NOGUERA et al. (2002) que observaram uma diminuição gradativa das correlações genética na medida em que se aumentou a distância entre as parições, ou seja, correlações entre parições mais próximas tenderam a ser maior que as mais distantes. Esta relação também foi constatada por SERENIUS et al. (2003).

Foram observadas correlações elevadas, algumas iguais a 1, entre a sexta parição, e parições não adjacentes. Alguns fatores, agindo simultaneamente ou não, podem ter influenciado estas estimativas como o menor valor para variância genética estimada nesta ordem e o fato de que o modelo bi-características não adota nenhuma estrutura para modelar as covariâncias entre diferentes medidas no mesmo animal. A menor quantidade de observações na sexta parição também pode ter influenciado as estimativas.

ROEHE e KENNEDY (1995), estudando parâmetros genéticos para diferentes parições em características de leitegada encontraram correlações elevadas entre a primeira e quarta parições. Estes autores consideram como causa das altas correlações entre a primeira e a quarta parição o fato da subestimação da variância genética na primeira parição e subsequente superestimação das correlações genéticas.

Tabela 7. Estimativas das correlações (acima da diagonal) e covariâncias genéticas (abaixo da diagonal), entre as diferentes parições seguindo a definição GC1 para os grupos de contemporâneos, bem como média das herdabilidades (diagonal e em negrito), estimadas pelas análises bi-características.

Parição	1	2	3	4	5	6
			NLNT			
1	0,11	0,98	0,92	0,84	0,83	1,00
2	1,27	0,10	1,00	1,00	0,15	1,00
3	0,93	1,22	0,10	0,91	1,00	1,00
4	0,73	1,18	0,98	0,08	0,69	1,00
5	0,98	0,18	1,31	0,68	0,12	1,00
6	1,17	1,12	0,84	0,70	1,16	0,07
			NLNV			
1	0,12	0,92	0,92	1,00	0,53	1,00
2	1,15	0,09	1,00	0,90	0,31	1,00
3	0,97	1,15	0,12	0,72	1,00	0,60
4	0,91	0,74	0,67	0,07	0,70	0,82
5	0,71	0,40	1,31	0,74	0,16	1,00
6	1,11	0,72	0,38	0,39	0,84	0,05

Tabela 8. Estimativas das correlações (acima da diagonal) e covariâncias genéticas (abaixo da diagonal), entre as diferentes parições seguindo a definição GC2 para os grupos de contemporâneos, bem como média das herdabilidades (diagonal e em negrito), estimadas pelas análises bi-características.

Parição	1	2	3	4	5	6
			NLNT			
1	0,11	0,93	0,93	0,79	0,91	1,00
2	1,24	0,11	1,00	1,00	0,21	1,00
3	0,94	1,23	0,10	0,81	1,00	0,79
4	0,77	1,22	0,94	0,09	0,66	1,00
5	1,02	0,24	1,24	0,62	0,09	1,00
6	1,12	1,10	0,48	1,00	0,79	0,06
			NLNV			
1	0,12	0,88	0,95	1,00	0,58	1,00
2	1,12	0,10	1,00	0,86	0,39	1,00
3	1,01	1,14	0,12	0,61	1,00	0,22
4	0,90	0,73	0,60	0,07	0,68	0,77
5	0,71	0,47	1,17	0,67	0,14	1,00
6	1,08	0,58	0,09	0,25	0,77	0,04

Tabela 9. Estimativas das correlações (acima da diagonal) e covariâncias genéticas (abaixo da diagonal), entre as diferentes parições seguindo a definição GC3 para os grupos de contemporâneos, bem como média das herdabilidades (diagonal e em negrito), estimadas pelas análises bi-características.

Parição	1	2	3	4	5	6
			NLNT			
1	0,14	0,94	0,84	1,00	1,00	0,78
2	1,36	0,09	1,00	1,00	0,79	0,80
3	0,92	1,16	0,10	1,00	1,00	0,31
4	0,98	1,00	0,99	0,07	1,00	0,70
5	1,93	1,17	2,15	1,16	0,23	1,00
6	1,78	1,00	0,49	0,79	2,52	0,22
			NLNV			
1	0,16	0,86	1,00	1,00	0,70	0,91
2	1,19	0,09	1,00	0,87	0,71	0,76
3	1,07	1,07	0,10	0,95	1,00	-0,06
4	1,14	0,63	0,72	0,06	1,00	0,37
5	1,47	1,18	2,05	1,41	0,32	0,78
6	2,08	0,85	-0,08	0,36	1,95	0,21

Comparando as herdabilidades obtidas pelo modelo de repetibilidade com as obtidas pelo modelo uni-características, houve uma pequena diferença entre as estimativas até a quinta parição para NLNT e até a quarta para NLNV. No entanto, o fato de existirem correlações genéticas de menor magnitude entre parições não adjacentes, sugere que cada parição possui uma base genética diferente, podendo ser avaliadas como características distintas, isto é, o modelo de repetibilidade pode não ser o mais adequado para a avaliação genética para o número de leitões nascidos. Contudo, ganhos genéticos, em todas as parições, podem ser obtidos realizando a seleção com base na primeira parição.

CONCLUSÕES

A definição de grupos de contemporâneos afeta as estimativas de componentes de variância, quando se considera cada parição como uma característica distinta.

Existe uma diferença entre as variâncias residuais de diferentes parições.

O tamanho de leitegada em diferentes parições pode ter uma base genética distinta, no entanto, a seleção realizada com base na primeira parição deve levar a ganhos genéticos nas demais parições.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BABOT, D.; NOGUERA, J.L.; ALFONSO, L.; ESTANY, J. Fixed or random contemporary groups in genetic evaluation for litter size in pigs using a single trait repeatability animal model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. v.120, n.1, p.12–22, 2003.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, D.L. VAN TASSELL, C. P.; KACHMAN, S. D.. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT] Lincoln: USDA/ARS, 1995. 120p.

ESTANY, J.; SORENSEN, D.. Estimation of genetic parameters analysis for litter size in Danish Landrace and Yorkshire pigs. **Journal of Animal Science**. v.60, p.315–324, 1995

LOGAR, B.; KOVAČ, M.; MALOVRH, Š.. Estimation of genetic parameters for litter size in pigs from different genetic groups. **Acta Agraria Kaposváriensis**. v.3, n.2, p.135-143. 1999.

NOGUERA, J. L.; VARONA, L.; BABOT, D.; ESTANY, J. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. **Journal of Animal Science**. v.80, p.2540–2547, 2002

PETRY, D. B.; JOHNSON, R. K.. Responses to 19 generations of litter size selection in the Nebraska Index line. I. Reproductive responses estimated in pure line and crossbred litters. **Journal of Animal Science**. v.82, p.1000–1006, 2004.

ROEHE, R.; KENNEDY, B. W. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. **Journal of Animal Science**, v.73, p.2959–2970, 1995.

SERENIUS, T.; SEVÓN-AIMONEN, M.-L.; MÄNTYSAARI, E. A. Effect of service sire and validity of repeatability model in litter size and farrowing interval of Finnish Landrace and Large White populations. **Livestock Production Science**, v.8, p.213–222, 2003.

Statistical Analysis System Institute. **SAS User's Guide: Statistics** version 6, fourth edition. Cary: SAS Institute Inc., 1990. 1686 p.

CAPITULO 3 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA NA ESTIMAÇÃO PARÂMETROS GENÉTICOS PARA O TAMANHO DE LEITEGADA DE SUÍNOS.

Modelos de Regressão Aleatória na Estimação Parâmetros Genéticos para o Tamanho de Leitegada em Suínos.

Resumo- Foram empregados modelos de regressão aleatória (MRA) na estimativa de parâmetros genéticos para o número total de leitões nascidos (NLNT) e número de leitões nascidos vivos (NLNV), para isso foram utilizadas informações de 5503 leitegadas. Um modelo multi-característica (MMC), também, foi empregado com a finalidade de se observar alguma discrepância entre as estimativas das duas metodologias. Inicialmente foram ajustados três modelos para cada característica com o objetivo de se modelar a variação residual. O modelo que considerou três classes de variâncias residuais, apresentou melhor ajuste que o que considerou homogeneidade e o que considerou total heterogeneidade. O modelo de repetibilidade com três classes de variâncias residuais foi o que apresentou melhor ajuste segundo o Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) e o Critério de Informação de Akaike (AIC), para ambas as características. Dois modelos adicionais também foram ajustados para ambas as características. Para NLNT, um MRA linear e um quadrático de rank 2, ambos com três classes de variâncias residuais. Para NLNV, o primeiro foi um MRA linear, o segundo foi um MRA linear (genética) e quadrática com rank 2 (ambiente permanente). As estimativas de herdabilidade obtidas pelos MRA foram menores que as para MMC. As correlações genéticas obtidas pelos MRA tenderam a diminuir com o decorrer das parições, para ambas características. As correlações genéticas entre ordens de parição, de maneira geral foram altas, indicando que ao selecionar-se para primeira ganhos genéticos podem ser obtidos nas parições subseqüentes.

Palavras-chaves: Correlações genéticas, prolificidade, modelos multi-características.

INTRODUÇÃO

O tamanho de leitegada pode ser considerado como o principal fator que determina a eficiência reprodutiva de um plantel suíno, sendo uma das características que recebem maior atenção por parte dos pesquisadores em melhoramento animal. Normalmente uma matriz suína tem mais de uma parição durante o decorrer de sua vida produtiva. Dessa forma, o número de leitões nascidos se enquadra na definição de dados longitudinais.

A maneira mais comum de se estimar os componentes de variância para dados longitudinais é a utilização de um modelo de repetibilidade, considerando que as correlações entre diferentes partições sejam iguais à unidade, ou seja, os mesmos genes controlam a característica em todas as partições. No entanto, trabalhos como os publicados por ROEHE & KENNEDY (1995) e LUKOVIC et al. (2004), que encontraram correlações entre algumas partições diferentes da unidade, indicam a que o modelo de repetibilidade não é o mais adequado para analisar esta característica.

Modelos uni e multi-características, também tem sido utilizados para estimar parâmetros genéticos para o tamanho da leitegada ao nascer em suínos, analisando cada parição como uma característica distinta. Embora estes modelos levem em consideração a correlação entre as características, não se emprega qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias entre as mesmas, o número de parâmetros estimados aumenta à medida que se aumenta o número de partições na análise.

Uma terceira alternativa seria o emprego de modelos de regressão aleatória, que vêm sendo utilizados para modelar características que se repetem durante a vida do animal. Estes modelos permitem uma melhor utilização dos dados, podendo melhorar a acurácia de seleção, pois todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para a avaliação do mesmo. Nestes modelos, ajusta-se uma curva de regressão fixa para modelar a trajetória média da população e, no mínimo, mais duas equações de regressão aleatória, para o efeito genético direto e para o ambiente permanente de animal, pelo fato de existirem medidas repetidas.

Modelos de regressão aleatória têm sido empregados em diversas áreas do melhoramento genético animal (SCHAEFFER 2004), principalmente, para modelar curvas de crescimento e de lactação em bovinos. Em suínos existem na literatura trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória para descrever curvas de crescimento (HUISMAN et al. 2002), e para ingestão de alimentos de animais em crescimento (SCHNYDER et al. 2001). Recentemente, LUCOVIC et al. (2004) na Eslovênia, e FERNÁNDEZ et al. (2006), na Espanha, utilizaram modelos de regressão aleatória para estimar parâmetros genéticos, para o número de leitões nascidos vivos, tomando como função contínua da ordem do parto. Estes autores concluíram que os modelos de regressão aleatória podem ser usados para estimar parâmetros genéticos para o tamanho de leitegada em suínos. Porém, ainda são escassos na literatura trabalhos que empregam esta metodologia para estimar parâmetros genéticos para prolificidade de matrizes suínas.

Diante disso foi objetivo deste estudo estimar parâmetros genéticos para o número total de leitões nascidos e nascidos vivos, através de modelos de regressão aleatória, descrevendo o comportamento dos componentes de (co)variâncias no decorrer das parições, bem como observar as divergências desta metodologia com o modelos multi-características.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de duas linhagens maternas Newsham® registrados entre janeiro de 2004 e setembro de 2006, em duas granjas núcleo americanas localizadas nos estados de Wyoming e Kansas. Ambas as granjas alojavam animais das duas linhagens.

Foram estudadas as características número total de leitões nascidos (NLNT) e número de leitões nascidos vivos (NLNV). O arquivo original continha informações de 7888 leitegadas. Este foi editado sendo que só foram consideradas leitegadas cujo número de leitões nascidos fosse superior a 1 e inferior a 22 e com grupos de contemporâneos com, no mínimo, 5 observações. Foram mantidas no arquivo informações até a sexta parição e eliminando os animais com menos que duas observações. Uma ilustração do número de observações em cada parição para o número de leitões nascidos vivos está disposta na Figura 1.

Análises

As análises empregando modelos de regressão aleatória foram realizadas com o programa o programa DXMRR, disponível no pacote estatístico DFREML (MEYER, 1998a). Com a finalidade de comparar os resultados, foram realizadas análises multi-características, com todas as características ao mesmo tempo empregando-se o programa DXMUX, também disponível no pacote DFREML.

Como efeitos fixos foram considerados a linhagem da matriz e o grupo de contemporâneos. A definição de grupos de contemporâneos foi constituída pela combinação do rebanho, ano e época em que ocorreu a parição. As épocas são referentes a combinações de três em três meses, sendo: janeiro a março (época 1); abril a junho (época 2); julho-setembro (época 3) e outubro a dezembro (época 4). Para modelar a trajetória média da população, foi empregada uma regressão quadrática de NLNT e NLNV sobre polinômios ortogonais de Legendre da ordem do parto.

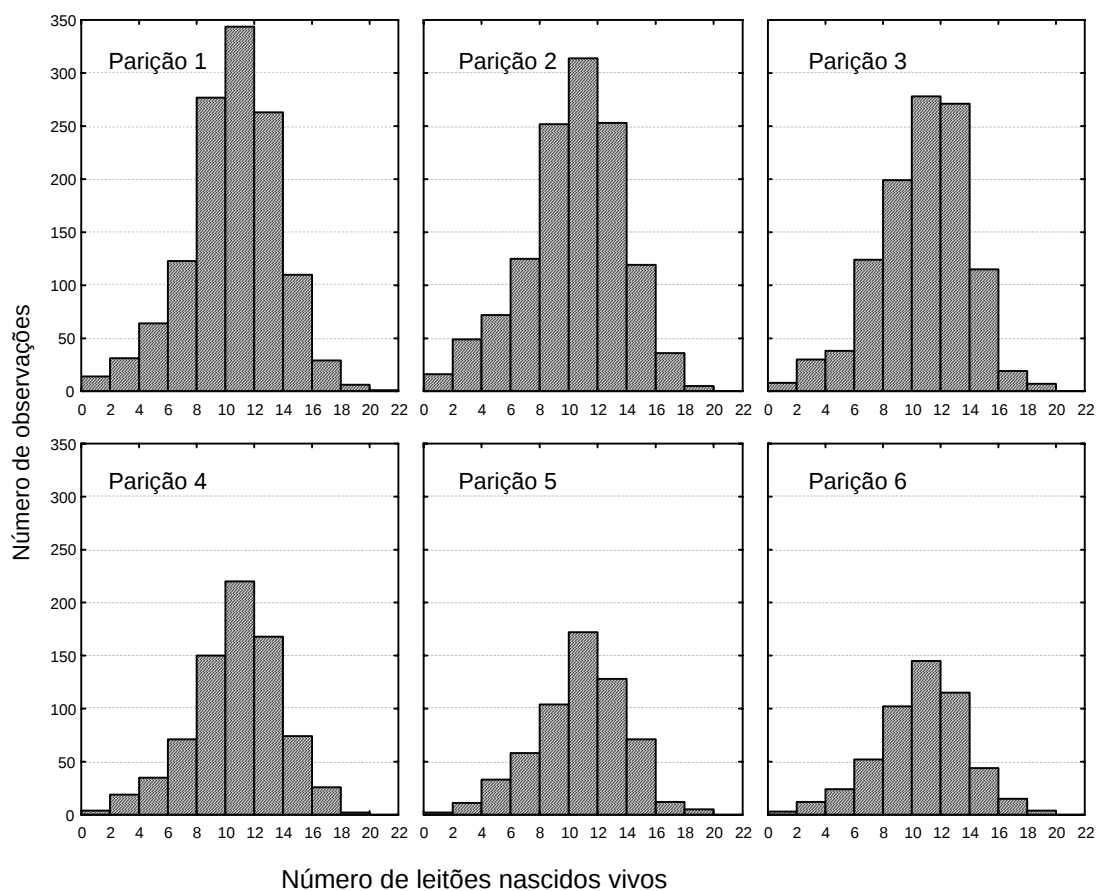


Figura 1. Distribuição das observações em cada parição para o número de leitões nascidos vivos.

Foram ajustados modelos de regressão aleatória para descrever o comportamento dos componentes de variância no decorrer das partições, por meio de polinômios ortogonais de Legendre, diferenciando quanto à ordem de ajuste dos polinômios, o rank da matriz de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória e as estruturas de variâncias residuais.

Inicialmente, foram ajustados modelos que diferiram quanto à forma de se considerar as variâncias residuais que foram estruturadas de três maneiras: considerando-se homogêneas entre as diferentes partições; agrupando-as em três classes, sendo: Classe 1 referente a primeira partição, Classe 2, a segunda partição, e Classe 3 as demais partições; e em seis classes, referentes a cada partição. Nesta etapa, foi considerada uma regressão quadrática sobre polinômios de Legendre para modelar a variação genética e de ambiente permanente.

Em seguida, foram empregados modelos de diferentes ordens de ajuste, sobre polinômios ortogonais de Legendre, variando de linear (ordem = 2) à cúbica (Ordem = 4), bem como modelos de repetibilidade (ordem = 1). Modelos de rank reduzido também foram empregados na estimação de matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória, uma vez que análises preliminares mostraram que, em alguns modelos, os autovalores destas matrizes foram próximos de zero (MEYER, 1998b). Os modelos de rank reduzido foram construídos com base no número de autovalores próximos de zero obtidos nos modelos de rank completo, dessa forma sendo empregados modelos específicos para cada característica.

Adaptando-se de MEYER (1998b), o número de parâmetros estimados para nas análises é dado por:

$$np = k_a m_a - m_a \frac{(m_a - 1)}{2} + k_p m_p - m_p \frac{(m_p - 1)}{2} + \varepsilon(i)$$

Em que: np é o número de parâmetros a serem estimados; k_a e k_p são as ordens de ajustes dos polinômios para os efeitos genéticos diretos e de ambiente permanente, respectivamente; m_a e m_p são o rank da matriz de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genéticos diretos e de ambiente permanente, respectivamente; e $\varepsilon(i)$ é o número de classes consideradas para modelar as variâncias residuais.

O modelo de regressão aleatória para modelar as variações genéticas e de ambiente permanente pode representado por:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{k_\beta=0}^{k_\beta-1} \beta_k \phi_{jk} + \sum_{k_\alpha=0}^{k_\alpha-1} \alpha_k \phi_k + \sum_{k_\gamma=0}^{k_\gamma-1} \gamma_k \phi_k + e_{ij}$$

Onde: y_{ij} é o $j^{\text{ésimo}}$ NLNT ou NLNV do $i^{\text{ésimo}}$ animal; ϕ_k é o $k^{\text{ésimo}}$ polinômio de Legendre da parição padronizada (-1 a +1); F_{ij} é um conjunto de efeitos fixos; β_k são os coeficientes de regressão fixos para modelar a trajetória média da população; α_k e γ_k são, respectivamente, os coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal; k_β , k_α e k_γ são as ordens dos polinômios a serem ajustados para a trajetória média da população, para os efeitos genéticos aditivos diretos e de ambiente permanente; e_{ij} é o efeito aleatório residual.

Em forma matricial este modelo pode ser reescrito como:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2p + \varepsilon$$

Assumindo que:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } V \begin{bmatrix} a \\ p \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & K_p \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Onde: y é um vetor de observações dos animais; β vetor de efeitos fixos, incluindo os coeficientes de regressão fixos; a e p são os vetores de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos e de ambiente permanente, respectivamente; ε é o vetor de erros aleatórios; X , Z_1 e Z_2 , são as matrizes de incidência correspondentes. K_a e K_p são as matrizes de variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genéticos aditivos direto e de ambiente permanente de animal, respectivamente, e R é uma matriz contendo as variâncias residuais. A é a

matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco entre os animais, e $\otimes$ é o operador de produto direto de Kroenecker.

A comparação de modelos foi realizada através de testes estatísticos baseados no máximo da função de verossimilhança e da inspeção dos parâmetros estimados em cada modelo. No Teste da Razão de Verossimilhança (*LRT*), um modelo M_i (com i parâmetros) é comparado com um modelo M_{i+j} (com j parâmetros adicionais), tomando-se por base o valor χ^2 , com j graus de liberdade. O valor da estatística é:

$$LRT = 2 \log L_{M_i} - 2 \log L_{M_{i+j}}$$

Onde: L_{M_i} é o máximo da função de verossimilhança restrita para o modelo M_i ; $L_{M_{i+j}}$ é o máximo da função de verossimilhança restrita para o modelo M_{i+j} .

A hipótese de nulidade implica na igualdade das funções de verossimilhança restrita nos modelos aninhados:

$$H_0 : -2 \log L_{M_i} = -2 \log L_{M_{i+j}}$$

A comparação de modelos pelo valor de *LRT* tende a favorecer modelos mais parametrizados, dessa a forma a escolha dos modelos também foi feita com base nos valores do Critério de Informação de Akaike (*Akaike's Information Criterion* - AIC) e do Critério de Informação Bayesiano (*Bayesian Information Criterion* - BIC) (BURNHAM & ANDERSON, 1998). Estes critérios também se baseiam no máximo da função de verossimilhança de cada modelo e impõem penalidades para modelos mais parametrizados, tendendo a favorecer modelos mais parcimoniosos. Os valores para comparação são dados por:

$$AIC = -2 \log L + 2np$$

$$BIC = -2 \log L + np \log(N - r)$$

em que: np é número de parâmetros; N é o número de observações; e r é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos.

Os diferentes modelos são referenciados no texto como Gkm-Pkm-c, onde: G representa o efeito genético; P ambiente permanente; k é a ordem de ajuste, com polinômios ortogonais de Legendre, para o efeito aleatório, referenciado pelas letras maiúsculas; m é o rank da matriz de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória do efeito aleatório; e c é o número de classes residuais empregadas no modelo. Por exemplo, G32-P43-3 representa um modelo com uma regressão de ordem 3 (quadrática) e rank 2 para modelar os efeitos genéticos, ordem 4 (cúbica) com rank 3 para modelar os efeitos ambiente permanente, e resíduo agrupado em três classes.

Para as análises multi-características o modelo é similar ao empregado na regressão aleatória, desconsiderando-se o efeito de ambiente permanente. Nas pressuposições K_a é substituída por G_0 que representa a matriz de (co)variâncias genéticas entre as seis parições.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número de observações, a média, o desvio padrão e o coeficiente de variação das características, bem como o número de grupos de contemporâneos podem ser observados na Tabela 1. As médias tenderam se elevar com o decorrer das parições sendo mais elevadas na quinta parição, como é de se esperar para os padrões da espécie. As características apresentaram moderados coeficientes de variação, salientando-se a segunda parição que apresentou CV mais elevados. Como esperado o houve uma diminuição no número de observações com o decorrer das parições.

Tabela 1. Número de observações, média, desvio padrão (Dp) e coeficiente de variação (CV) por parição, bem como número de grupos de contemporâneos (GC), para as características estudadas.

Parição	Informações				
	Nº de obs.	Média	Dp	CV(%)	Nº GC
NLNT					
Geral	5503	11,91	3,40	28,52	17
1	1277	11,82	3,33	28,17	14
2	1254	11,66	3,59	30,79	16
3	1090	12,06	3,40	28,19	14
4	770	12,03	3,31	27,51	13
5	595	12,11	3,29	27,24	11
6	517	12,01	3,28	27,32	10
NLNV					
Geral	5503	11,11	3,19	28,72	17
1	1277	10,97	3,19	29,07	14
2	1254	10,88	3,37	30,99	16
3	1090	11,25	3,12	27,70	14
4	770	11,25	3,09	27,50	13
5	595	11,35	3,09	27,24	11
6	517	11,21	3,11	27,73	10

NLNT - Número total de leitões nascidos;

NLNV - Número de leitões nascidos vivos.

GC formado pela Granja-ano-época da parição.

A trajetória média da população para o número de leitões nascidos (Total e vivos), pode ser observada na Figura 2. Esta curva de regressão quadrática foi baseada nas médias ajustadas para os efeitos fixos através da metodologia dos quadrados mínimos, obtidas com a utilização do programa DFREML. Observa-se que ocorre um aumento no número de leitões nascidos tanto no total como vivos, no entanto, o comportamento das duas curvas não é idêntico, a distância entre as curvas aumenta no decorrer das partições indicando um aumento no número de leitões nascidos mortos com o decorrer do tempo.

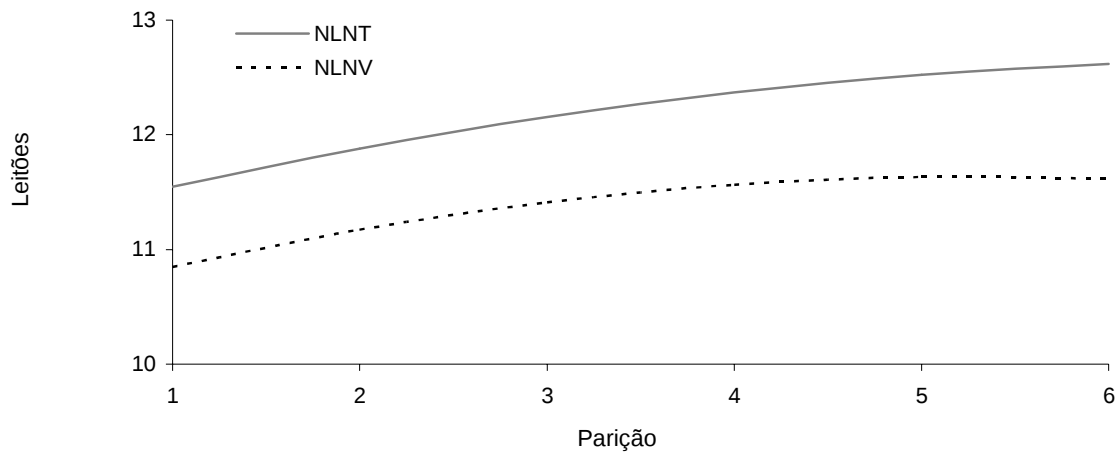


Figura 2. Trajetória média da população ajustada para os efeitos fixos, por quadrados mínimos, para o número total de leitões nascidos (NLNT) linha cheia e número de leitões nascidos vivos (NLNV) linha tracejada.

As informações referentes aos modelos empregados, com as diferentes estruturas de variâncias residuais estão dispostos na Tabela 2. Tanto para NLNT como para NLNV os modelos que indicavam homogeneidade de variância residual apresentaram menores valores para logaritmo de verossimilhança. O teste da razão de verossimilhança (LRT) e o AIC indicaram que o modelo com três classes de variâncias residuais foi o que apresentou melhor ajuste, uma vez que este não diferiu significativamente do modelo com seis classes quando utilizado o LRT. Devido a maior penalidade imposta, o Critério de Informação Bayesiano (BIC), indicou como melhor modelo o que considerava as variâncias residuais homogêneas.

Tabela 2. Número de parâmetros (Np), logaritmo de verossimilhança (Log L), valores de AIC e BIC, e valor probabilidade do teste da razão da verossimilhança, para os modelos ajustados.

Modelo	k _a	m _a	k _p	m _p	e	Np	Log L	AIC	BIC	LRT	
										M _i - M _{i+j} ^a	Valor – p ^b
NLNT											
1	3	3	3	3	1	13	-9344,67	18715,34	18215,52	1-2	0,04*
2	3	3	3	3	3	15	-9341,38	18712,76	18222,67	1-3	0,23
3	3	3	3	3	6	18	-9341,22	18718,44	18248,22	2-3	0,96
NLNV											
1	3	3	3	3	1	13	-9051,77	18129,55	18801,31	1-2	0,01**
2	3	3	3	3	3	15	-9046,74	18123,47	18811,96	1-3	0,07
3	3	3	3	3	6	18	-9046,59	18129,19	18837,47	2-3	0,96

NLNT - Número total de leitões nascidos;

NLNV - Número de leitões nascidos vivos;

k_a – ordem do polinômio para o efeito genético, m_a – rank da matriz de coeficiente de regressão aleatória para o efeito genético; k_p e m_p , ordem de ajuste e rank da matriz referentes ao efeito de ambiente permanente; e e número de classes residuais consideradas;

^a Comparação do modelo M_i com i parâmetros, com M_{i+j} com j parâmetros adicionais;

^b Calculado com j graus de liberdade.

* significativo $p < 0,05$; ** significativo $p < 0,01$

As estimativas de variâncias residuais para os três modelos empregados obtidas neste estudo estão ilustradas Figura 3. Nota-se que as estimativas pouco divergiram entre os modelos que consideravam três e seis classes, observando-se menores valores na primeira parição e maiores na segunda. A partir da terceira parição as estimativas tenderam a uma estabilidade, justificando considerar três classes para modelar as variâncias residuais.

Similarmente, as estimativas de variâncias residuais obtidas por IRGANG et al. (1994), estimando parâmetros genéticos para tamanho de leitegada nas três primeiras partições, apresentaram menores valores para variância residual na primeira parição, ROEHE & KENNEDY (1995) observaram um aumento na variâncias residual da primeira para segunda parição, a qual praticamente não diferiu das demais. LUKOVIC et al. (2007) estimando parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos vivos da primeira até a décima parição obteve maior valor da variância residual na segunda parição.

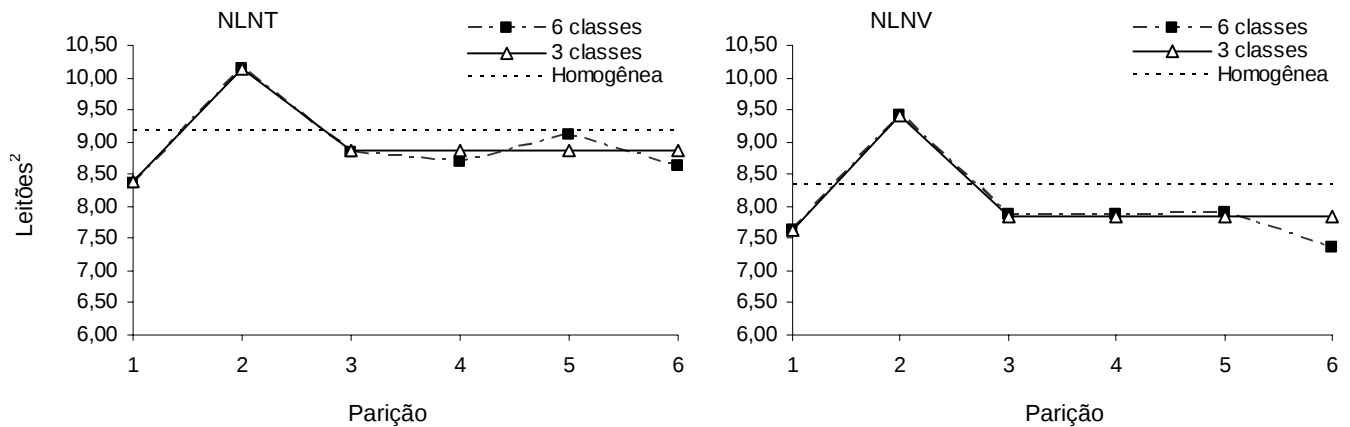


Figura 3. Estimativas de variância residutéal para os modelos que as consideram homogêneas entre as parições (linha tracejada), para os que as agrupam em três classes (triângulos) e em seis classes (quadrados), para o número total de leitões nascidos (NLNT) à esquerda e número de leitões nascidos vivos (NLNV) à direita.

As informações referentes aos modelos ajustados para modelar a variação genética estão dispostas na Tabela 4, para NLNT. Houve uma pequena diminuição no valor do Log L à medida que se aumentou o número de parâmetros do modelo, quando os critérios adotados foram o LRT e AIC, o modelo G11-P11-3 apresentou melhor ajuste. De maneira geral, quando adotado o LRT e AIC, os modelos que consideram três classes variâncias residuais foram mais adequados que os que consideravam homogeneidade. O BIC indicou o modelo de repetibilidade com homogeneidade de variâncias residuais como o mais adequado, provavelmente pela maior penalidade empregada, por este critério, ao número de parâmetros. Em seqüência o modelo G22-P22-3 (linear), e G32-P32-3 (cúbica), foram os mais adequados, de acordo com o LRT e AIC.

Tabela 4. Número de parâmetros (Np), logaritmo de verossimilhança (Log L), valores de AIC e BIC, e valor probabilidade do teste da razão da verossimilhança, para os modelos ajustados para número total de leitões nascidos.

Modelo	k_a	m_a	k_p	m_p	e	Np	Log L	AIC	BIC	LRT	
										$M_i - M_{i+j}^a$	Valor – p^b
1	1	1	1	1	1	3	-9347,68	18701,36	18721,20	1-2	0,03
2	1	1	1	1	3	5	-9344,11	18698,23	18731,29		
3	2	2	2	2	1	7	-9347,34	18708,69	18754,98	3-4	0,03
4	2	2	2	2	3	9	-9343,75	18705,50	18765,01		
5	3	2	3	2	1	11	-9344,67	18711,34	18784,09	5-6	0,04
6	3	2	3	2	3	13	-9341,39	18708,79	18794,75	6-8	0,99
7	3	3	3	3	1	13	-9344,67	18715,34	18801,31	6-10	0,48
8	3	3	3	3	3	15	-9341,38	18712,76	18811,95	6-12	0,80
9	3	2	4	2	1	13	-9341,60	18709,19	18795,16	4-6	0,32
10	3	2	4	2	3	15	-9340,66	18711,32	18810,52		
11	3	2	4	3	1	15	-9341,59	18713,19	18812,38		
12	3	2	4	3	3	17	-9340,56	18715,13	18827,55		
13	4	2	3	2	1	13	-9342,84	18711,69	18797,66	13-14	0,16
14	4	2	3	2	3	15	-9340,99	18711,97	18811,17	14-16	0,76
15	4	3	3	2	1	15	-9342,62	18715,23	18814,43	14-18	0,99
16	4	3	3	2	3	17	-9340,71	18715,42	18827,84	4-14	0,48
17	4	4	4	4	1	21	-9341,22	18724,44	18863,32	6-14	0,67
18	4	4	4	4	3	23	-9340,15	18726,30	18878,40		

k_a – ordem do polinômio para o efeito genético, m_a – rank da matriz de coeficiente de regressão aleatória para o efeito genético; k_p e m_p , ordem de ajuste e rank da matriz referentes ao efeito de ambiente permanente; e e número de classes residuais consideradas;

^a Comparação do modelo M_i com i parâmetros, com M_{i+j} com j parâmetros adicionais;

^b Calculado com j graus de liberdade.

Para o número de leitões nascidos vivos, os valores de Log L, AIC e BIC, estão dispostos na Tabela 5. Semelhante ao NLNT, o modelo G11-P11-3 foi o que apresentou melhor ajuste, segundo LRT e o AIC, e o BIC indicou o modelo G11-P11-1 como o mais adequado. Em seqüência o modelo G22-P22-3 (linear), e G22-P32-3 (cúbica), foram os mais adequados.

Tabela 5. Número de parâmetros (Np), logaritmo de verossimilhança (Log L), valores de AIC e BIC, e valor probabilidade do teste da razão da verossimilhança, para os modelos ajustados para número de leitões nascidos vivos.

Modelo	k_a	m_a	k_p	m_p	e	Np	Log L	AIC	BIC	LRT	
										$M_i - M_{i+j}^a$	Valor – p^b
1	1	1	1	1	1	3	-9054,56	18115,13	18134,97	1-2	0,01
2	1	1	1	1	3	5	-9049,48	18108,95	18142,02		
3	2	2	2	2	1	7	-9053,09	18120,19	18166,48	3-4	0,01
4	2	2	2	2	3	9	-9048,57	18115,14	18174,66	4-6	0,51
5	2	2	3	2	1	9	-9052,96	18123,93	18183,44	4-8	0,88
6	2	2	3	2	3	11	-9047,90	18117,79	18190,54		
7	2	2	4	3	1	13	-9050,47	18126,95	18212,92		
8	2	2	4	3	3	15	-9047,35	18124,70	18223,89		
9	3	2	3	2	1	11	-9051,77	18125,55	18198,29	9-10	0,01
10	3	2	3	2	3	13	-9046,73	18119,47	18205,44	10-12	0,99
11	3	3	3	3	1	13	-9051,77	18129,55	18215,52	4-10	0,45
12	3	3	3	3	3	15	-9046,73	18123,47	18222,67		
13	4	2	3	2	1	13	-9049,85	18125,69	18211,66	13-14	0,02
14	4	2	3	2	3	15	-9045,79	18121,57	18220,77	14-16	0,90
15	4	3	3	2	1	15	-9049,65	18129,30	18228,49	14-18	0,98
16	4	3	3	2	3	17	-9045,69	18125,37	18237,80	4-14	0,47
17	4	4	4	4	1	21	-9048,56	18139,13	18278,00	10-14	0,39
18	4	4	4	4	3	23	-9044,80	18135,59	18287,69		

k_a – ordem do polinômio para o efeito genético, m_a – rank da matriz de coeficiente de regressão aleatória para o efeito genético; k_p e m_p , ordem de ajuste e rank da matriz referentes ao efeito de ambiente permanente; e e número de classes residuais consideradas;

^a Comparação do modelo M_i com i parâmetros, com M_{i+j} com j parâmetros adicionais;

^b Calculado com j graus de liberdade.

Os valores de variância fenotípica obtidos pelos quatro MRA com melhor ajuste de acordo com o AIC, e pela análise multi-característica estão ilustrados na Figura 4. Espera-se que as variâncias fenotípicas de qualquer modelo sejam as mesmas, havendo diferenças apenas na partição destas. O modelo G11-P11-3 apresentou estimativas próximas aos do MMC, porém distancio-se na terceira, quinta e sexta parição, similar ao modelo G22-P22-3. O modelo G32-P32-3, obteve variâncias fenotípicas mais próximas das obtidas pelo MMC.

Na Figura 5 estão ilustrados os valores obtidos para variância fenotípica para NLNV, obtidos pelos modelos ajustados, bem como os resultados referentes ao MMC. Pouca diferença foi observada entre os MRA e o MMC. Até a terceira parição o modelo G11-P11-3 apresentou valores próximos ao MMC, porém a partir da quarta parição a discrepância entre estes dois modelos tendeu a aumentar.

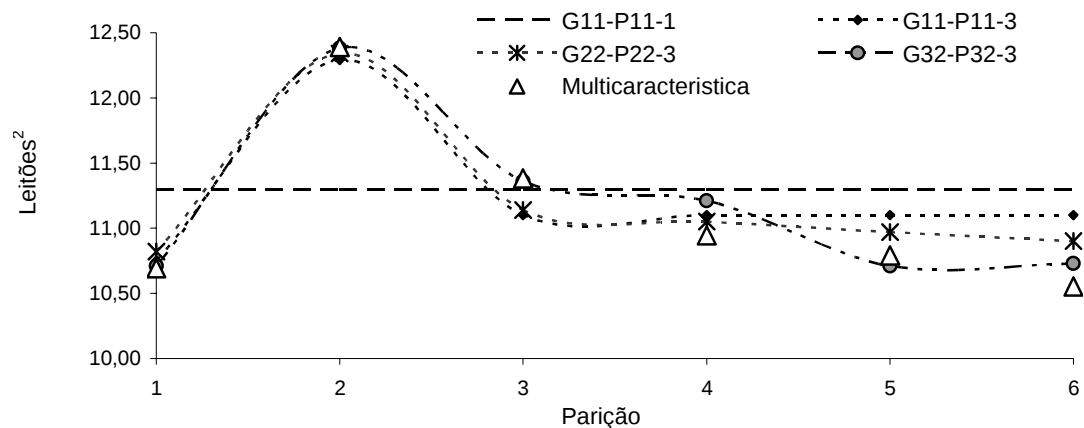


Figura 4. Variâncias fenotípicas para quatro os modelos indicados pelo AIC para o número total de leitões nascidos (NLNT). A linha tracejada constante representa o modelo de repetibilidade. Os triângulos indicam os valores obtidos pelo modelo multi-característica. G32-P32-3 identifica um modelo com ordem 3 e rank 2 para os efeitos genéticos, ordem 3 e rank 2 para os efeitos de ambiente permanente e três classes de variâncias residuais,

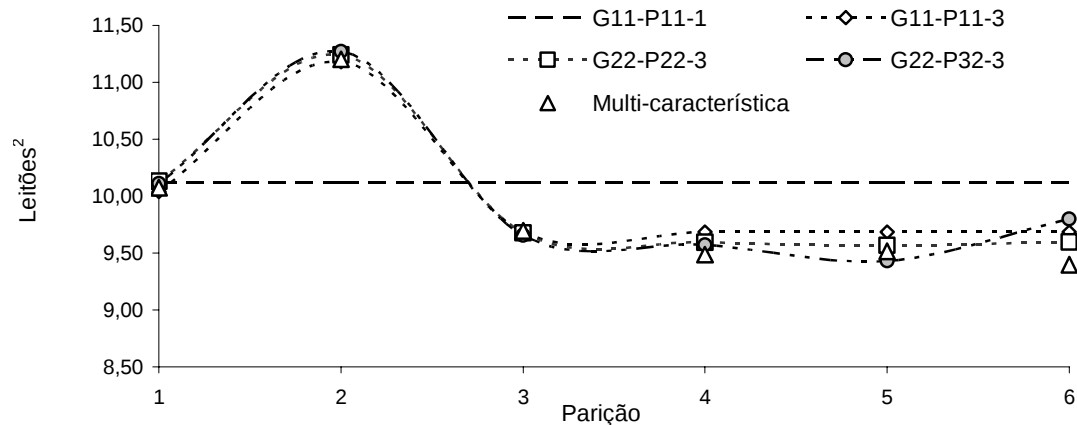


Figura 5. Variâncias fenotípicas para quatro os modelos indicados pelo AIC para o número de leitões nascidos vivos. A linha tracejada constante representa o modelo de repetibilidade. Os triângulos indicam os valores obtidos pelo modelo multi-característica. G32-P32-3 identifica um modelo com ordem 3 e rank 2 para os efeitos genéticos, ordem 3 e rank 2 para os efeitos de ambiente permanente e três classes de variâncias residuais.

Os parâmetros obtidos pelos diferentes MRA estão dispostos na Tabela 6, para NLNT, e na Tabela 7, para NLNV. Apesar do melhor ajuste do modelo, as estimativas de herdabilidades obtidas pelo modelo G11-P11-3 não foram diferentes das estimadas pelo modelo de mesma ordem de ajuste com variância residual homogênea, em ambas as características. As estimativas de h^2 obtidas pelo MRA G22-P22-3, diminuíram com decorrer das parições. Já para G32-P32-3 as estimativas foram bem próximas até a quarta parição sendo menores na quinta e na sexta.

As estimativas herdabilidades obtidas pelos MRA foram menores que as encontradas quando se utilizou o modelo multi-característica (Tabela 8), consequência das variâncias genéticas de maior magnitude obtidas pelo MMC. Os valores de h^2 encontrados pelo MMC foram mais elevados na terceira e quarta parição e o menor valor foi obtido na sexta parição.

A herdabilidade é uma propriedade inerente a cada característica dentro de cada população, para o número total de leitões nascidos encontram-se diferentes estimativas na literatura em diferentes parições. ROEHE & KENNEDY (1995) em análises bi-características encontram uma média de estimativas mais elevada para a segunda parição, ao contrário do estimado por HANENBERG et al (2001), com MMC, cujo valor de h^2 foi menor para esta parição. Com modelos multi-características ALFONSO et al. (1997) encontraram pequenos valores de herdabilidade para NLNT, porém se observava um aumento no valor desta no decorrer das parições.

Para NLNV as herdabilidades estimadas por meio dos MRA G22-P22-3 e G22-P32-3 foram bem próximas, com uma diminuição dos valores com o decorrer das parições, divergindo de NOGUERA et al. (2002), com modelo multi-características. LUKOVIC et al. (2004) e FERNÁNDEZ et al. 2006 encontraram menores valores para herdabilidade na primeira parição seguido de aumento e uma relativa estabilidade nas parições subseqüentes.

Similarmente ao NLNT, as herdabilidade e variâncias genéticas obtidas pelos MRA, foram menores que as obtidas pelo MMC (Tabela 8). Com o MMC o menor valor de herdabilidade foi encontrado na sexta parição e valores mais elevados na terceira e na quinta.

Tabela 6. Estimativas de variância genética (a) e de ambiente permanente (p), herdabilidades (h^2 – diagonal e negrito), coeficiente de ambiente permanente (p^2), e variâncias residuais (e), correlações genéticas (abaixo da diagonal) e correlações de ambiente permanente (acima da diagonal) para o número total de leitões nascidos, obtidos por diferentes MRA.

Parâmetro/ parição	1	2	3	4	5	6
Repetibilidade						
a	0,87	0,87	0,87	0,87	0,87	0,87
p	1,13	1,13	1,13	1,13	1,13	1,13
h^2	0,08	0,08	0,08	0,08	0,08	0,08
p^2	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
e	9,30	9,30	9,30	9,30	9,30	9,30
Resíduo heterogêneo (três classes)						
a	0,87	0,87	0,87	0,87	0,87	0,87
p	1,11	1,11	1,11	1,11	1,11	1,11
h^2	0,08	0,07	0,08	0,08	0,08	0,08
p^2	0,10	0,09	0,10	0,10	0,10	0,10
e	8,78	10,31	9,13	9,13	9,13	9,13
Regressão Aleatória ($k_a = 2$; $m_a=2$; $k_p = 2$; $m_p = 2$), resíduo em três classes						
1	0,10	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
2	1,00	0,08	1,00	1,00	1,00	1,00
3	1,00	1,00	0,08	1,00	1,00	1,00
4	0,99	1,00	1,00	0,07	1,00	1,00
5	0,99	0,99	1,00	1,00	0,06	1,00
6	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,06
a	1,05	0,95	0,86	0,77	0,70	0,63
p	1,12	1,12	1,11	1,11	1,10	1,10
e	8,65	10,27	9,18	9,18	9,18	9,18
e+p	9,77	11,39	10,29	10,29	10,28	10,28
Regressão Aleatória ($k_a = 3$; $m_a=2$; $k_p = 3$; $m_p = 2$) resíduo em três classes						
1	0,10	0,90	0,79	0,81	0,93	0,99
2	0,88	0,09	0,98	0,99	0,99	0,83
3	0,75	0,97	0,10	0,99	0,96	0,70
4	0,72	0,96	0,99	0,09	0,96	0,72
5	0,84	0,99	0,99	0,98	0,06	0,88
6	0,99	0,84	0,67	0,66	0,78	0,04
a	1,04	1,06	1,18	1,05	0,67	0,43
p	1,25	1,18	1,32	1,30	1,18	1,44
e	8,41	10,14	8,86	8,86	8,86	8,86
e+p	9,66	11,32	10,18	10,16	10,04	10,30

k_a – ordem do polinômio para o efeito genético, m_a – rank da matriz de coeficiente de regressão aleatória para o efeito genético; k_p e m_p , ordem de ajuste e rank da matriz referentes ao efeito de ambiente permanente.; MRA – Modelo de Regressão Aleatória.

Tabela 7. Estimativas de variância genética (a) e de ambiente permanente (p), herdabilidades (h^2 – diagonal e negrito), coeficiente de ambiente permanente (p^2), e variâncias residuais (e), correlações genéticas (abaixo da diagonal) e correlações de ambiente permanente (acima da diagonal) para o número total de leitões nascidos, obtidos por diferentes MRA.

Parâmetro/ parição	1	2	3	4	5	6
Repetibilidade						
a	0,72	0,72	0,72	0,72	0,72	0,72
p	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97
h^2	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07
p^2	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
e	8,42	8,42	8,42	8,42	8,42	8,42
Resíduo heterogêneo (três classes)						
a	0,72	0,72	0,72	0,72	0,72	0,72
p	0,94	0,94	0,94	0,94	0,94	0,94
h^2	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07
p^2	0,09	0,08	0,10	0,10	0,10	0,10
e	8,38	9,52	8,02	8,02	8,02	8,02
Regressão Aleatória ($k_a = 2$; $m_a=2$; $k_p = 2$; $m_p = 2$), resíduo em três classes						
1	0,11	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98
2	0,99	0,08	0,99	0,99	0,99	0,99
3	0,96	0,99	0,07	0,99	0,99	0,99
4	0,90	0,95	0,98	0,06	0,99	0,99
5	0,79	0,85	0,92	0,98	0,06	0,99
6	0,64	0,72	0,82	0,91	0,97	0,06
a	1,09	0,87	0,71	0,60	0,54	0,53
p	0,88	0,91	0,93	0,96	0,99	1,03
e	8,16	9,46	8,03	8,03	8,03	8,03
e+p	9,04	10,37	8,96	8,99	9,02	9,06
Regressão Aleatória ($k_a = 2$; $m_a=2$; $k_p = 3$; $m_p = 2$), resíduo em três classes						
1	0,11	0,83	0,61	0,61	0,81	0,99
2	0,99	0,07	0,95	0,94	0,99	0,87
3	0,97	0,99	0,07	0,99	0,96	0,67
4	0,91	0,95	0,98	0,06	0,96	0,67
5	0,80	0,87	0,93	0,98	0,06	0,85
6	0,65	0,74	0,83	0,91	0,98	0,05
a	1,09	0,87	0,71	0,60	0,53	0,52
p	1,39	0,95	1,07	1,10	1,02	1,40
e	7,64	9,44	7,87	7,87	7,87	7,87
e+p	9,03	10,39	8,94	8,97	8,89	9,27

k_a – ordem do polinômio para o efeito genético, m_a – rank da matriz de coeficiente de regressão aleatória para o efeito genético; k_p e m_p , ordem de ajuste e rank da matriz referentes ao efeito de ambiente permanente. MMC – Modelo Multi-características; MRA – Modelo de Regressão Aleatória.

Tabela 8. Estimativas de variância genética (a), herdabilidades (diagonal, negrito), correlações genéticas (abaixo da diagonal) e correlações ambientais (acima da diagonal) e variâncias residuais (e), para o número total de leitões nascidos e nascidos vivos, obtidos por modelos Multi-características.

Parâmetro/ parição		1	2	3	4	5	6
NLNT							
	1	0,12	0,09	0,08	0,02	0,24	0,08
	2	0,71	0,11	0,15	0,12	0,18	0,18
	3	0,83	0,69	0,14	0,12	0,07	0,04
	4	0,84	0,98	0,79	0,14	0,16	0,07
	5	0,33	0,01	0,69	0,11	0,12	0,10
	6	0,87	0,65	0,99	0,77	0,69	0,08
	a	1,30	1,40	1,54	1,51	1,26	0,80
	e	9,39	10,99	9,84	9,44	9,53	9,75
NLNV							
	1	0,12	0,12	0,05	0,05	0,27	0,11
	2	0,69	0,10	0,09	0,12	0,09	0,15
	3	0,76	0,79	0,16	0,08	0,05	0,10
	4	0,98	0,83	0,81	0,10	0,18	0,09
	5	0,17	0,29	0,74	0,20	0,15	0,17
	6	0,72	0,83	0,99	0,79	0,74	0,02
	a	1,17	1,07	1,52	0,91	1,37	0,18
	e	8,90	10,14	8,17	8,58	8,14	9,22

Ao se trabalhar com dados longitudinais espera-se que os valores de correlações entre partições mais distantes seja menor que entre partições adjacentes, que é condizente com as estimativas obtidas por HANENBERG et al (2001) e ALFONSO et al. (1997), para NLNT, e por NOGUERA et al. (2002); LUKOVIC et al. (2004), LUKOVIC et al. (2007) e FERNÁNDEZ et al. (2006), para NLNV. No presente estudo isso pode ser observado quando foi empregado o modelo de regressão aleatória. Para MMC menores correlações foram obtidas entre a quinta e as demais partições tanto para NLNT como para NLNV.

Para ambas as características dificilmente pode ser observado um padrão entre as estimativas de correlações genéticas obtidas pelo MMC, o que pode ser consequência da menor quantidade de observações nas ultimas partições, bem como o fato de o modelo multi-característica não adotar nenhuma estrutura para modelar as covariâncias no decorrer das partições.

Para NLNT altas correlações genéticas foram obtidas pelo MRA G22-P22-3. Quando utilizado o MRA G32-P32-3, as correlações genéticas entre partições também foram elevadas, excetuando-se, a primeira com a terceira e com a quarta, e a terceira, quarta e quinta com a sexta. Para NLNV, as correlações se comportaram de maneira similar para G22-P22-3 e G22-P32-3.

A presença de correlações genéticas menores que 0,80, nos MMC e nos MRA, tanto para NLNT como para NLNV, indica que cada ordem de parto pode ser considerada como característica distinta. No entanto, realizando-se a seleção com base na primeira partição ganhos genéticos podem ser obtidos nas partições subsequentes.

Valores de correlações de ambiente permanente para o tamanho de leitegada entre partições são raros, relata-se a publicação de FERNÁNDEZ et al. (2006), ajustando um modelo de regressão aleatória quadrático tanto para os coeficiente de regressão genética como para os de ambiente permanente, resultou em altas correlações de ambiente permanente entre as partições, com exceção das com o agrupamento de partições superiores a quinta, com as anteriores onde estas foram inferiores a 0,8. No presente estudo as estimativas de correlações de ambiente permanente foram altas, excetuando-se alguma obtidas para característica NLNT. Para esta característica, as correlações entre as partições 3 com 6 e 4 com 6, foram as menores encontradas.

O emprego de modelos de regressão aleatória para estimar parâmetros genéticos para o número de leitões nascidos vivos é uma alternativa ao modelo de repetibilidade, e traz por vantagem, em relação ao modelo multi-característica, a adoção de uma estrutura para modelar as covariâncias no decorrer das partições, bem como a estimação dos efeitos de ambiente permanente.

Considerar cada parição como uma característica distinta depende dos objetivos e critérios de seleção adotados em programa de melhoramento bem como das propriedades inerentes a cada população. Se por exemplo, deseja-se selecionar animais com base nas três primeiras partições pode-se utilizar o modelo de repetibilidade uma vez que as correlações entre estas partições são elevadas. Por outro lado, na busca por animais com valores genéticos mais elevados nas últimas partições, a fim de se obter um aumento na vida produtiva das matrizes, podem ser empregados os modelos que considerem cada parição como uma característica distinta, como os modelos de regressão aleatória.

CONCLUSÕES

É importante considerar a heterogeneidade de variâncias residuais entre partições para número de leitões nascidos, sendo que estruturando em três classes obteve-se um melhor ajuste dos dados.

Os modelos de regressão aleatória podem ser utilizados na avaliação genética do tamanho de leitegada em suínos. As estimativas de herdabilidades para o número de leitões nascidos, obtidas por estes modelos tenderam a diminuir com o decorrer das partições, no entanto, devido a altas correlações genéticas entre ordens de parição, selecionar-se para primeira ganhos genéticos podem ser obtidos nas partições subseqüentes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALFONSO, L.; NOGUERA, J. L.; BABOT, D.; ESTANY, J. Estimates of genetic parameters for litter size at different parities in pigs. **Livestock Production Science**. v.47, p.149–156. 1997.

BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. **Model selection and inference: a practical information - theoretic approach**. 353p. Springer, New York, 1998

FERNÁNDEZ, A.; RODRIGÁÑEZ, J.; RODRÍGUEZ, M.C.; SILIÓ, L.. Genetic evaluation of litter size for multiple parities in iberian pigs. In.: World congress on genetics applied to livestock production, 8., 2006, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production., [2006] (CD_ROM).

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.

HUISMAN, A.E.; VEERKAMP, R.F.; VAN ARENDONK, J.A.M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.575-582, 2002.

IRGANG, R.; FÁVERO, J. A.; KENNEDY, B. W. Genetic parameters for litter size of different parities in Duroc, Landrace, and Large White sows. **Livestock Production Science**. v.72, p.2237–2246, 1994.

LUKOVIC, Z.; UREMOVIC, M.; KONJACIC, M.; UREMOVIC, Z.; VINCEK, D. Genetic parameters for litter size in pigs using a random regression model. **Asian-Australian. Journal Animal Science**. v.20, n.2, p.160-165, 2007.

LUKOVIC, Z.; MALOVRH, S.; GORJANC, G. KOVAČ, M. A random regression model in analysis off litter size in pigs. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.4, p.241-247, 2004.

MEYER, K. **DFREML - Version 3.0 b - User Notes**. 1998a.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution.** v.30, p.221-240, 1998b.

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

ROEHE, R.,; KENNEDY, B. W. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. **Journal of Animal. Science,** v.73, p.2959–2970, 1995.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science.** v.86, p.35-45, 2004.

SCHNYDER, U.; HOFER, A.; KÜNZI. Impact of variation in length of individual testing periods on estimation of (co)variance components of a random regression model for feed intake of growing pigs. **Journal Animal Breeding Genetics.** v.118, p.235-246. 2001.