

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

LETÍCIA FERNANDA DE OLIVEIRA

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E DEPRESSÃO
ENDOGÂMICA EM SUÍNOS DA RAÇA PIAU**

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2020

LETÍCIA FERNANDA DE OLIVEIRA

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E DEPRESSÃO
ENDOGÂMICA EM SUÍNOS DA RAÇA PIAU**

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

Orientador: Renata Veroneze

Coorientador: Paulo Sávio Lopes

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2020

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

O48e
2020

Oliveira, Leticia Fernanda de, 1995-

Estimação de parâmetros genéticos e depressão endogâmica
em suínos da raça Piau / Leticia Fernanda de Oliveira. – Viçosa,
MG, 2020.

26 f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Renata Veroneze.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.22-26.

1. Suínos - Raças - Brasil. 2. Conservação. 3. Endogamia.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia.
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. II. Título.

CDD 22 ed. 636.484

LETÍCIA FERNANDA DE OLIVEIRA

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E DEPRESSÃO
ENDOGÂMICA EM SUÍNOS DA RAÇA PIAU**

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

APROVADA: 19 de fevereiro de 2020.

Assentimento:



Letícia Fernanda de Oliveira
Autora



Renata Veroneze
Orientadora

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, pelo dom da vida e por sempre me dar força para que eu nunca desista.

À minha orientadora, Renata, pela dedicação, paciência, empenho e disponibilidade em me passar seus conhecimentos.

À minha família pelo apoio, carinho, amor e incentivo para que eu sempre realize meus sonhos, fazendo dos meus sonhos os sonhos deles.

Ao meu namorado pelo amor, companheirismo, apoio e por sempre acreditar nos meus sonhos.

A meus amigos que sempre me ajudaram, me alegraram, me fizeram rir e me proporcionaram momentos de distração e diversão que jamais serão esquecidos.

Ao GDMA por todos momentos de aprendizagem, reuniões, cursos, e momentos de descontração e confraternizações.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

À fonte financiadora de pesquisa CNPq.

E a todos que, de alguma forma, colaboraram para a realização deste trabalho, bem como na minha trajetória percorrida.

RESUMO

OLIVEIRA, Letícia Fernanda, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2020. **Estimação de parâmetros genéticos e depressão endogâmica em suínos da raça Piau.** Orientadora: Renata Veroneze. Coorientador: Paulo Sávio Lopes.

A raça Piau é a mais importante entre as raças naturalizadas brasileiras, sendo caracterizada por sua rusticidade e menores exigências em manejo e alimentação e maior adaptabilidade às condições climáticas brasileiras. Objetivou-se estimar o tamanho efetivo da população e endogamia de suínos da raça Piau e parâmetros genéticos e depressão endogâmica para as características peso do leitão ao nascimento e ao desmame, ganho de peso médio diário pré-desmame (GPMD) e número de tetos. Foram utilizados dados de 3841 animais da raça Piau, sendo avaliados quatro modelos lineares em análises unicaracterísticas incluindo ou excluindo efeito genético materno, efeito comum de leitegada ou a combinação destes. Os efeitos fixos utilizados foram os efeitos de sexo, ordem de parto e grupo de contemporâneos, e idade ao desmame como covariável para peso ao desmame. Os ajustes dos modelos foram comparados utilizando-se o teste da razão de verossimilhança, em que o modelo que apresentou o melhor ajuste para cada característica foi utilizado para a estimação de componentes de (co)variância. Calculou-se o tamanho efetivo da população por geração, proporção de indivíduos endogâmicos e endogamia média ao longo das gerações. O efeito da depressão endogâmica foi avaliado utilizando um modelo linear que incluía os efeitos fixos de sexo, grupo de contemporâneos, ordem de parto da fêmea e o coeficiente de endogamia como covariável fixa. Peso ao nascimento e peso ao desmame apresentaram baixas herdabilidades diretas (0,08 e 0,05, respectivamente), enquanto GPMD e número de tetos apresentaram herdabilidades diretas moderadas (0,20 e 0,29, respectivamente). Peso ao nascimento apresentou altas correlações com peso ao desmame (0,90) e com GPMD (0,82), peso ao desmame e GPMD também apresentaram alta correlação (0,99), enquanto número de tetos apresentou correlação moderada com peso ao nascimento (0,58) e peso ao desmame (0,38). Houve aumento da endogamia e redução do tamanho efetivo ao longo das gerações, sendo que na última geração avaliada, 100% dos indivíduos eram endogâmicos, o coeficiente médio de endogamia foi de 0,07 e o tamanho efetivo de 20,8. Efeito significativo da endogamia foi observado somente para GPMD, em que um acréscimo de 1% no coeficiente de endogamia resultou em decréscimo de 0,005 gramas no GPMD.

Palavras-chave: Conservação. Raças naturalizadas. Endogamia.

ABSTRACT

OLIVEIRA, Letícia Fernanda, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2020. **Estimation of genetic parameters and inbreeding depression in Piau breed pigs.** Advisor: Renata Veroneze. Co-advisor: Paulo Sávio Lopes.

The Piau breed is the most important among the naturalized Brazilian breeds, being characterized by its rusticity and lower demands in handling and feeding and greater adaptability to Brazilian climatic conditions. The objective of this study was to estimate the effective population size and inbreeding of Piau pigs and genetic parameters, and inbreeding depression for piglet's weight at birth and weaning, average pre-weaning daily weight gain (GPMD) and teat number. Data from 3841 Piau pigs were used, and four linear models were fitted in single trait analyzes including or excluding maternal genetic effect, common litter effect, or a combination of these. The models included the fixed effects of sex, parity order and contemporary group for all traits, and for weaning weight the age at weaning as included as covariate. The model's adjustment were compared using the likelihood ratio test, in which the model that presented the best fit for each trait was used to estimate (co)variance components. The effective population size per generation, the proportion of inbred individuals, and average inbreeding over the generations were calculated using the software Endog. The inbreeding depression effect was evaluated using a linear model that included the fixed effects of sex, parity order, contemporary group, and inbreeding coefficient as a fixed covariate. Weight at birth and at weaning showed low direct heritabilities (0.08 and 0.05, respectively). While GPMD and teat number showed moderate heritabilities (0.20 and 0.29, respectively). Weight at birth showed high genetic correlations with weight at weaning (0.90) and with GPMD (0.82); Weight at weaning and GPMD also showed a high genetic correlation (0.99). However, teat number showed moderate correlations with weight at birth (0.58) and weight at weaning (0.38). There was an inbreeding increase over the generations and reduction of the effective population size. In the last generation evaluated all animals were inbred, the average inbreeding coefficient was 0.07 and the effective population size was 20.8. It was observed a significant inbreeding effect on GPMD, wherein an increase of 1% on the inbreeding coefficient resulted in a decrease of 0.005 grams on GPMD.

Keywords: Conservation. Naturalized breeds. Inbreeding.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	7
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	7
2.1 Raça Piau	7
2.2 Endogamia	8
2.3 Parâmetros genéticos em raças locais	9
3 MATERIAL E MÉTODOS	10
3.1 Descrição dos dados.....	10
3.2 Modelos estatísticos	11
3.3 Estimação de parâmetros genéticos	12
3.4 Tamanho efetivo e endogamia.....	13
4 RESULTADOS	14
4.1 Parâmetros genéticos	14
4.2 Tamanho efetivo e endogamia.....	16
4.3 Ajuste da depressão endogâmica	16
5 DISCUSSÃO	17
5.1 Parâmetros genéticos	17
5.2 Tamanho efetivo e endogamia.....	19
5.3 Ajuste da depressão endogâmica	20
6 CONCLUSÃO	21
REFERÊNCIAS	22

1 INTRODUÇÃO

Com a busca por maior produtividade animal, têm-se reduzido o uso de raças locais, mesmo que estas, como a raça Piau, sejam caracterizadas pela rusticidade, resistência a doenças, menores exigências em manejo e alimentação e apresentem maior adaptabilidade às condições climáticas brasileiras (MARIANTE et al., 2003; SOLLERO et al., 2009; SPRÍCIGO et al., 2019). Entretanto, a manutenção da diversidade genética é uma das principais razões para a conservação das raças locais, a qual é importante para lidar com mudanças climáticas, sanitárias ou de mercado (BENNEWITZ et al., 2008). Contudo, para o estabelecimento de programas de conservação é fundamental a caracterização genética de raças locais (JORDANA et al., 2010), da estrutura de população e do potencial produtivo da raça.

Os parâmetros genéticos de uma população são fundamentais para determinar os ganhos genéticos esperados caso a população seja submetida à seleção, sendo, portanto, informação fundamental para análise do potencial produtivo da raça. Além disso, de acordo com Toro e Caballero (2005) monitorar a variância genética aditiva pode revelar as variações relacionadas ao fitness e produzir informações interessantes a respeito dos efeitos genéticos e ambientais nas mudanças da diversidade genética.

A redução da diversidade genética é uma das consequências da endogamia (YADAV et al., 2019), uma vez que promove o aumento da homozigose e alterações das frequências alélicas pela deriva genética, fazendo com que os indivíduos se tornem mais semelhantes entre si (WELLMANN & BENNEWITZ, 2019). Além disso, o aumento da endogamia promove o declínio dos valores fenotípicos, o que é chamado de depressão endogâmica (FALCONER & MACKAY, 1996; LEROY, 2014; YADAV et al., 2019).

Diante a redução da população da raça Piau e a existência de poucos núcleos de conservação, torna-se necessário conhecer os parâmetros genéticos, a estrutura da população, a endogamia e seus efeitos nesta raça para que estratégias de conservação mais eficientes sejam traçadas. Assim, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos, tamanho efetivo da população, endogamia e depressão endogâmica para as características peso do leitão ao nascimento e ao desmame, ganho de peso médio diário pré-desmame e número de tetos em suínos da raça Piau.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Raça Piau

Durante a colonização do Brasil foram introduzidas no país raças suínas portuguesas, espanholas e asiáticas, as quais espalharam-se pelo território brasileiro (CESCONETO et al.,

2017), adaptando-se às condições ambientais, de clima, manejo e sanitárias encontradas nos diferentes habitats, dando origem às raças naturalizadas brasileiras, também denominadas de raças locais (EGITO et al., 2002).

A raça Piau era considerada a melhor e mais importante raça naturalizada (CAVALCANTI, 1984), sendo um animal tipo banha, que apresenta grande deposição de tecido adiposo na carcaça. Em 1939, animais da raça Piau foram submetidos a um programa de melhoramento e seleção criado pelo veterinário Antônio Teixeira Vianna, objetivando o desenvolvimento de uma raça de dupla aptidão para produção de carne e banha (GOMES & D'AULÍSIO, 1980). Devido às mudanças nas exigências de mercado, que passou a demandar carne mais magra, raças suínas locais passaram a ser ameaçadas de extinção, existindo poucos núcleos de conservação de raças locais no Brasil.

Utilizando nível de proteína bruta de 9,6% na dieta da fase de crescimento (35 - 65 kg) de suínos da raça Piau, Silva et al. (2019) reportaram ganho de peso médio diário de 0,57 Kg, conversão alimentar de 4,03 e espessura de toucinho de 24,16 mm. Os autores destacam que o nível de exigência de proteína bruta na dieta da raça Piau é bem inferior ao de raças comerciais (15,8%), o que torna a raça interessante para sistemas de produção familiares, com baixo nível tecnológico. Além disso, a raça possui potencial para atender nichos de mercado, visto que, conforme mostrado por Serão et al. (2011) a raça Piau possui um teor de gordura intramuscular (2,48%) significativamente superior às linhas comerciais de suínos, o que confere mais sabor e suculência a carne (FERNANDEZ et al., 1999).

2.2 Endogamia

A endogamia é resultante do processo de acasalamento de indivíduos que são relacionados entre si por um ancestral comum (FALCONER & MACKAY, 1996; CURIK et al., 2014), ou seja, que apresentam algum grau de parentesco. A endogamia promove o aumento da homozigose e, conseqüentemente, a redução da heterozigose e pode ser quantificada por meio do coeficiente de endogamia (F). Informações de pedigree podem ser utilizadas para o cálculo de F, o qual é definido como a probabilidade de dois alelos herdados por um indivíduo serem cópias idênticas de um alelo presente no genoma de um ancestral comum, ou seja, serem idênticos por descendência (CHARLESWORTH & WILLIS, 2009; CASELLAS et al., 2018).

Diante do aumento da homozigose, há a maior expressão de genes recessivos deletérios que, anteriormente, eram mascarados pelos alelos dominantes nos indivíduos heterozigotos; logo, animais endogâmicos apresentam maior expressão de anormalidades e mortalidade

(CASELLAS et al., 2018; YADAV et al., 2019). O aumento da homoziguidade promove perdas no desempenho reprodutivo e declínio no crescimento, aptidão e sobrevivência da progênie, esta redução no desempenho dos indivíduos é conhecida como depressão endogâmica (LEROY, 2014; HEDRICK & GARCIA-DORADO, 2016; CASELLAS et al., 2018; YADAV et al., 2019).

A depressão endogâmica é atribuída ao impacto das mutações recessivas, a perda das contribuições da sobredominância, em que os indivíduos heterozigotos são superiores à ambos homozigotos, e a dominância incompleta, em que os indivíduos heterozigotos são superiores à média dos dois homozigotos (CHARLESWORTH & WILLIS, 2009; LEROY, 2014; CASELLAS et al., 2018). A depressão endogâmica é avaliada pela taxa na qual a característica de interesse sofre redução diante o aumento do coeficiente de endogamia. Uma forma simples e que, tipicamente, é utilizada para mensurar a depressão endogâmica é considerar uma regressão linear ou quadrática da característica fenotípica de interesse em função do coeficiente de endogamia, verificando como se comporta a resposta fenotípica diante o aumento da endogamia (CHARLESWORTH & WILLIS, 2009; LEROY, 2014).

2.3 Parâmetros genéticos em raças locais

Ao avaliarem a raça nativa inglesa Berkshire, Tomiyama et al. (2010) obtiveram estimativas de herdabilidade direta de 0,07 e herdabilidade materna de 0,19 para peso ao nascimento, herdabilidade direta de 0,14 e herdabilidade materna de 0,06 para peso ao desmame e para número de tetos herdabilidade direta de 0,35 e herdabilidade materna de 0,02. Em estudos com mesma raça, Lee e Do (2012) encontraram estimativas de herdabilidade direta de 0,09 e herdabilidade materna de 0,27 para peso ao nascimento e para peso ao desmame relataram estimativas de herdabilidade direta de 0,11 e herdabilidade materna de 0,34. Tomiyama et al. (2010) obtiveram estimativas de correlação genética de 0,59 entre peso ao nascimento e peso ao desmame, enquanto Lee e Do (2012) encontraram estimativa de 0,48 para correlação genética entre as mesmas características. Tomiyama et al. (2010) estimaram, também, correlação genética de -0,02 entre peso ao nascimento e número de tetos e -0,11 entre peso ao desmame e número de tetos.

Avaliando suínos negros de Ashanti, raça local de Gana, Darfour Oduro et al. (2009) obtiveram estimativas de herdabilidade direta de 0,06 e herdabilidade materna de 0,75 para peso ao nascimento, herdabilidade direta de 0,14 e herdabilidade materna de 0,57 para peso ao desmame e para ganho de peso pré-desmame herdabilidade direta de 0,21 e herdabilidade

materna de 0,24. Darfour Oduro et al. (2009) estimaram também correlações genéticas de 1,00 entre peso ao nascimento e peso ao desmame, 0,87 entre peso ao nascimento e ganho de peso pré-desmame, e 0,85 entre peso ao desmame e ganho de peso pré-desmame.

Em estudos com suínos da raça Mukota, nativa do Zimbábue, Chimonyo et al. (2006) reportaram estimativas de herdabilidade direta de 0,09 e herdabilidade materna de 0,33 a 0,34 para peso ao nascimento; Chimonyo e Dzama (2007) estimaram herdabilidade direta de 0,15 e herdabilidade materna de 0,20 para ganho de peso pré-desmame; Chimonyo et al. (2008) obtiveram estimativas de herdabilidade direta de 0,14 a 0,16 e herdabilidade materna de 0,23 para peso ao desmame e herdabilidade direta de 0,12 a 0,15 e herdabilidade materna de 0,20 para ganho de peso pré-desmame.

Ao estudar suínos nativos da Nigéria, Ajayi e Akinokun (2013), utilizando modelo reprodutor, estimaram herdabilidades direta de 0,36 e 0,37 para peso ao nascimento e peso ao desmame, respectivamente. Não existem estudos recentes reportando parâmetros genéticos para raças de suínos locais brasileiras.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição dos dados

Foram utilizados dados provenientes do rebanho de conservação da raça Piau da Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento de Suínos da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais, Brasil. O pedigree utilizado incluiu informações de 3841 animais, em que 110 eram mães e 49 eram pais.

As informações utilizadas foram peso ao nascimento, peso ao desmame, ganho de peso médio diário (GPMD) pré-desmame e número de tetos de animais nascidos entre 2002 e 2018, sendo o GPMD calculado da seguinte forma:

$$\text{GPMD} = \frac{\text{peso ao desmame} - \text{peso ao nascimento}}{\text{idade ao desmame (dias)}}$$

A edição dos dados foi realizada utilizando o software R (R CORE TEAM, 2019), sendo removidas observações que estivessem mais que dois desvios-padrão acima ou abaixo da média. Os grupos de contemporâneos foram formados de acordo com a época (outubro a março considerados como estação quente; abril a setembro considerados como estação fria) e ano de nascimento, contendo no mínimo 12 animais com observações para cada característica dentro

de grupo de contemporâneo. As estatísticas descritivas dos dados utilizados após a edição são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Estatística descritiva dos dados

Característica	Número de observações	Média	Mínimo	Máximo	Desvio-padrão	CV (%)
Peso ao nascimento	3548	0,997	0,300	1,766	0,271	27,12
Peso ao desmame	1644	6,600	2,500	10,900	1,841	27,89
GPMD*	1362	0,154	0,058	0,257	0,042	27,12
Número de tetos	3282	10,918	9	13	1,046	9,58

CV: coeficiente de variação; *GPMD: ganho de peso médio diário pré-desmame.

3.2 Modelos estatísticos

Foram avaliados quatro modelos lineares em análises unicaracterísticas incluindo ou excluindo efeito genético materno, efeito comum de leitegada ou a combinação destes, a fim de identificar o modelo de melhor ajuste para a avaliação de cada uma das características estudadas. Os mesmos efeitos fixos foram utilizados em todos os modelos e incluíam os efeitos de sexo, ordem de parto e grupo de contemporâneos, no caso de peso ao desmame a idade ao desmame foi utilizada como covariável. Os modelos avaliados podem ser descritos na forma matricial como:

M1: Modelo animal com efeito genético aditivo direto:

$$y = Xb + Z_a a + e$$

M2: Modelo animal com efeito genético aditivo direto e efeito genético materno:

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$$

M3: Modelo animal com efeito genético aditivo direto e efeito comum de leitegada:

$$y = Xb + Z_a a + Wc + e$$

M4: Modelo animal com efeito genético aditivo direto, efeito genético materno e efeito comum de leitegada:

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Wc + e$$

em que y é o vetor de observações, b é o vetor de efeitos fixos, a é o vetor de efeito genético aditivo direto aleatório; m é o vetor de efeito genético aditivo materno aleatório; c é o vetor de efeito comum de leitegada aleatório; e é o vetor de resíduos, X é a matriz de incidência de

efeitos fixos e \mathbf{Z}_a , \mathbf{Z}_m e \mathbf{W} são matrizes de incidência dos efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno e comum de leitegada, respectivamente. As distribuições dos efeitos aleatórios foram:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que σ_a^2 é a variância genética aditiva direta, σ_m^2 é a variância genética materna, σ_{am} é a covariância entre os efeitos genético direto e materno, σ_c^2 é a variância comum de leitegada e σ_e^2 é a variância residual.

As análises foram realizadas utilizando o software AIREMLF90 (MISZTAL, 2002). Para testar se os efeitos incluídos foram significativos ou não, utilizou-se o teste da razão de verossimilhança (LRT), o qual é calculado da seguinte forma:

$$\text{LRT} = -2(\text{LogL}_{\text{modelo reduzido}} - \text{LogL}_{\text{modelo completo}})$$

em que $\text{LogL}_{\text{modelo reduzido}}$ é o logaritmo da verossimilhança do modelo com menor número de parâmetros, $\text{LogL}_{\text{modelo completo}}$ é o logaritmo da verossimilhança do modelo com maior número de parâmetros. O LRT apresenta distribuição Qui-quadrado, com grau de liberdade igual a diferença no número de parâmetros (efeitos aleatórios) ajustados para os dois modelos e nível de significância α (FISHER, 1922; NEYMAN & PEARSON, 1928), o qual foi estabelecido em 0,05. O teste da razão de verossimilhança é utilizado para comparação de modelos aninhados, em que um modelo reduzido representa a hipótese de nulidade, na qual o(s) parâmetro(s) restringido(s) é(são) nulo(s), e o modelo completo representa a hipótese alternativa, na qual o(s) parâmetro(s) difere(m) de zero (MACKENZIE et al., 2018).

3.3 Estimação de parâmetros genéticos

Após teste de significância, o modelo M4 foi determinado o mais adequado e foi então usado para estimação de componentes de (co)variância, sendo que para a obtenção das covariâncias entre características foram ajustados modelos bicaracterísticos, em que assumiu-se as seguintes pressuposições:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{d} \end{bmatrix} \sim \text{N}(\mathbf{0}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A}),$$

$$\mathbf{c} \sim \text{N}(\mathbf{0}, \mathbf{C} \otimes \mathbf{I}),$$

$$\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R} \otimes \mathbf{I}),$$

em que \mathbf{G} é a matriz de variâncias e covariâncias genética aditiva direta e genética materna entre as características; \mathbf{A} é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco; \mathbf{C} é a matriz de (co)variâncias comum de leitegada entre as características; \mathbf{I} é uma matriz identidade e \mathbf{R} é a matriz de (co)variâncias entre efeitos aleatórios residuais.

A variância fenotípica total foi calculada da seguinte forma:

$$\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am} + \sigma_c^2 + \sigma_e^2$$

Estimativas de herdabilidade direta (h^2_d) e herdabilidade materna (h^2_m) foram calculadas, respectivamente, como razões das estimativas de variância genética aditiva direta (σ_a^2) e variância genética aditiva materna (σ_m^2) pela variância fenotípica total (σ_p^2).

3.4 Tamanho efetivo e endogamia

O tamanho efetivo (N_e) e a endogamia (F) são parâmetros importantes para o monitoramento da diversidade genética de uma população. Foi utilizado o software ENDOG v. 4.8 (GUTIÉRREZ & GOYACHE, 2005) para o cálculo de tamanho efetivo, o qual é obtido a partir do coeficiente de regressão (b) dos coeficientes de endogamia individuais ao longo das gerações completas equivalentes, e sua fórmula pode ser escrita como:

$$N_e = \frac{1}{2b}$$

$$\text{Em que, } b = F_t - F_{t-1}$$

Sendo que F_t e F_{t-1} representam o coeficiente de endogamia médio nas gerações t e $t - 1$, respectivamente.

Também foi calculado o coeficiente de relação médio que é definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente de toda a população do pedigree pertencer a um determinado animal, sendo essa uma medida complementar ao coeficiente de endogamia (GUTIÉRREZ & GOYACHE, 2005).

Os coeficientes de endogamia (F) para cada animal presente no pedigree foram calculados segundo Meuwissen e Luo (1992) e, a fim de estimar o efeito da depressão endogâmica, o seguinte modelo linear foi ajustado:

$$y_{ijkl} = \mu + sex_j + gc_k + op_l + b(F_{ijkl} - \bar{F}) + e_{ijkl}$$

Em que y_{ijkl} é o fenótipo do animal; μ é a média geral; sex_j é o efeito do sexo j ; gc_k é o efeito do grupo de contemporâneos k ; op_l é o efeito de ordem de parto da mãe; F_{ijkl} é o coeficiente de endogamia do indivíduo; b é o coeficiente de regressão linear e \bar{F} é a endogamia média; e e_{ijkl} é o resíduo aleatório. As análises foram realizadas utilizando a função *lm* do software R (R CORE TEAM, 2019).

4 RESULTADOS

4.1 Parâmetros genéticos

De acordo com o teste da razão de verossimilhança (LRT) o modelo completo (M4), incluindo os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético materno e comum de leitegada, foi superior aos modelos reduzidos (M1, M2 e M3) para as todas as características estudadas (Tabela 2).

Tabela 2. Valores de logaritmo da verossimilhança (LogL) e teste da razão de verossimilhança (LRT) de comparação de modelos

Característica	Modelo	LogL	Comparação	LRT	gl*	p-valor
Peso ao nascimento	1	-339,5581	1 vs 4	7608,4673	2	<0,0001
	2	3286,4644	2 vs 4	356,4222	1	<0,0001
	3	-114,6445	3 vs 4	7158,6400	1	<0,0001
	4	3464,6755				
Peso ao desmame	1	-5688,5428	1 vs 4	7422,4858	2	<0,0001
	2	-2115,7991	2 vs 4	276,9984	1	<0,0001
	3	-5540,6923	3 vs 4	7126,7848	1	<0,0001
	4	-1977,2999				
GPMD**	1	448,6500	1 vs 4	7240,4327	2	<0,0001
	2	4023,7791	2 vs 4	90,1745	1	<0,0001
	3	504,8585	3 vs 4	7128,0156	1	<0,0001
	4	4068,8663				
Número de tetos	1	-5126,7057	1 vs 4	7417,0844	2	<0,0001
	2	-1544,3051	2 vs 4	252,2830	1	<0,0001
	3	-4982,7059	3 vs 4	7129,0847	1	<0,0001
	4	-1418,1636				

*gl: graus de liberdade do teste da razão de verossimilhança; **GPMD: ganho de peso médio diário pré-desmame.

Os componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados utilizando o modelo que apresentou melhor ajuste nas análises unicaracterísticas, ou seja, M4 (Tabela 3). As covariâncias foram estimadas em análises bicaracterísticas e estão apresentadas na Tabela 4.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade direta e herdabilidade materna (erros-padrão entre parênteses) das características de peso ao nascimento, peso ao desmame, ganho de peso médio diário pré-desmame (GPMD) e número de tetos

Característica	σ_a^2	σ_m^2	σ_{am}	σ_c^2	σ_e^2	σ_p^2	h_d^2	h_m^2
Peso ao nascimento	0,0071 (0,0050)	0,0177 (0,0061)	- 0,0008 (0,0052)	0,0187 (0,0020)	0,0436 (0,0029)	0,0863 (0,0048)	0,08 (0,06)	0,20 (0,07)
Peso ao desmame	0,1947 (0,1300)	0,5070 (0,2732)	- 0,3137 (0,1829)	1,3670 (0,1784)	1,9076 (0,1028)	3,6626 (0,2075)	0,05 (0,05)	0,14 (0,07)
GPMD	0,0005 (0,0003)	0,0002 (0,0002)	0,0001 (0,0002)	0,0005 (0,0001)	0,0011 (0,0002)	0,0025 (0,0002)	0,20 (0,12)	0,10 (0,08)
Número de tetos	0,4689 (0,1419)	0,0759 (0,0695)	- 0,0945 (0,0860)	0,3261 (0,0376)	0,8260 (0,0779)	1,6025 (0,0612)	0,29 (0,08)	0,05 (0,04)

σ_a^2 : variância genética aditiva direta; σ_m^2 : variância genética aditiva materna; σ_{am} : covariância entre os efeitos genético direto e materno;

σ_c^2 : variância comum de leitegada; σ_e^2 : variância residual; σ_p^2 : variância fenotípica; h_d^2 : herdabilidade direta; h_m^2 : herdabilidade materna.

Tabela 4. Covariâncias ($\sigma_{a1,2}$) e correlações (r_g) genéticas (erros-padrão entre parênteses) entre as características peso ao nascimento, peso ao desmame, ganho de peso médio diário (GPMD) pré-desmame e número de tetos de suínos da raça Piau

Características		$\sigma_{a1,2}$	$r_{g1,2}$
Peso ao nascimento	Peso ao desmame	0,25119 (0,0163)	0,90 (0,0967)
	GPMD	0,00465 (0,0004)	0,82 (0,1633)
	Número de tetos	0,05327 (0,0076)	0,58 (0,1345)
Peso ao desmame	GPMD	0,10858 (0,0042)	0,99 (0,0043)
	Número de tetos	0,22977 (0,0105)	0,38 (0,0138)
GPMD	Número de tetos	0,00404 (0,0020)	0,22 (0,3930)

Peso ao nascimento e peso ao desmame apresentaram baixas herdabilidades direta (0,08 e 0,05, respectivamente), enquanto GPMD e número de tetos apresentaram herdabilidades direta moderadas (0,20 e 0,29, respectivamente). Peso ao nascimento apresentou altas correlações com peso ao desmame (0,90) e com GPMD (0,82), peso ao desmame e GPMD também apresentaram alta correlação (0,99), enquanto número de tetos apresentou correlação moderada com peso ao nascimento (0,58) e peso ao desmame (0,38) e baixa (0,22) com GPMD.

4.2 Tamanho efetivo e endogamia

O tamanho efetivo e a endogamia ao longo das gerações são relevantes para monitoramento das mudanças na diversidade genética dentro da população. Observa-se na Tabela 5, que houve aumento da endogamia ao longo das gerações o que promoveu a redução do tamanho efetivo da população, além disso, chama a atenção o fato de que na geração 4 todos os animais da população passaram a ser endogâmicos.

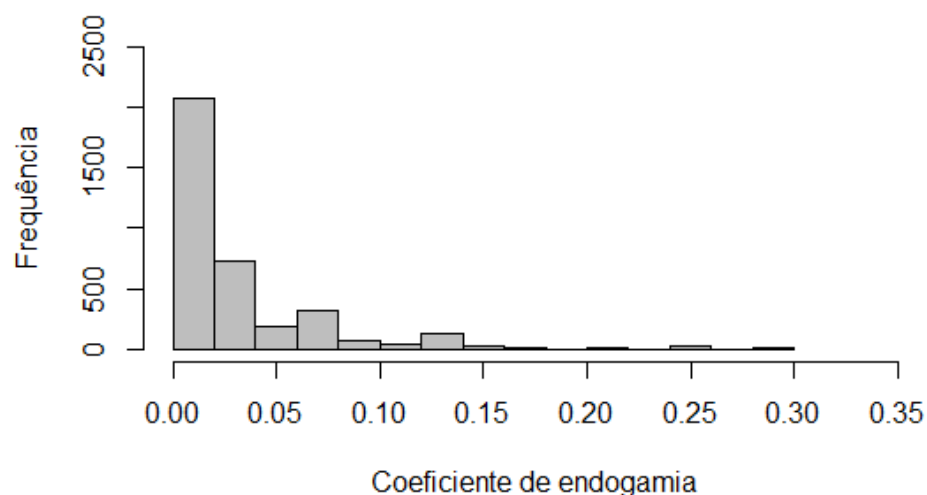
Tabela 5. Número de indivíduos (N), coeficiente de endogamia médio (F), porcentagem de indivíduos endogâmicos (% endogâmicos), coeficiente de endogamia médio dos indivíduos endogâmicos ($F_{\text{endogâmicos}}$), coeficiente de relação médio (AR) e tamanho efetivo (N_e) em gerações completas equivalentes

Geração	N	F	% endogâmicos	$F_{\text{endogâmicos}}$	AR	N_e
0	596	0,0000	0,00	0,0000	0,0538	-
1	630	0,0088	32,86	0,0269	0,0782	56,5
2	1170	0,0291	43,08	0,0675	0,1158	24,4
3	1211	0,0487	98,02	0,0497	0,1430	24,7
4	235	0,0715	100,00	0,0715	0,1509	20,8

4.3 Ajuste da depressão endogâmica

A distribuição do coeficiente de endogamia (F) de todos os animais da raça Piau presentes no pedigree estão apresentadas na Figura 1. Observa-se que a maioria dos animais apresentaram baixos níveis de endogamia e o coeficiente de endogamia máximo foi de 0,28.

Figura 1 – Distribuição do coeficiente de endogamia dos animais da raça Piau.



Os efeitos da endogamia nas características avaliadas são apresentados na Tabela 6, pode-se observar que o coeficiente de regressão foi significativo somente para GPMD. O coeficiente de regressão indica que a cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia uma redução de 0.0005 gramas do no GPMD é observado.

Tabela 6. Estimativas de coeficientes de regressão linear (erros-padrão entre parênteses) da endogamia no peso ao nascimento, peso ao desmame, ganho de peso médio diário (GPMD) pré-desmame e número de tetos.

Característica	Coefficiente	p-valor
Peso ao nascimento	0,0005 (0,0011)	0,640
Peso do Desmame	-0,0073 (0,0106)	0,494
GPMD	-0,0005(0,0003)	0,054
Número de tetos	-0,0093 (0.00502)	0.064

5 DISCUSSÃO

5.1 Parâmetros genéticos

Para todas características, os modelos que apresentaram melhor ajuste incluíam o efeito materno, o que pode ser explicado pelo fato das características avaliadas sofrerem influência de fatores como suprimento de nutriente uterino, capacidade uterina e, no caso de peso ao desmame e GPMD, produção de leite (KAUFMANN et al., 2000), os quais são controlados por componentes genéticos da fêmea. O efeito comum de leitegada é importante para características em que os animais compartilham um ambiente comum o qual irá contribuir para a semelhança entre os indivíduos (CAVALCANTE NETO et al., 2009).

O peso individual do leitão ao nascimento está diretamente relacionado a sobrevivência do leitão, ao comportamento e ganho de peso pré e pós-desmame (FIX et al., 2010; MUNS et al., 2013; ALVES et al., 2018a). No presente estudo, o peso ao nascimento apresentou estimativa de herdabilidade direta (0,08), corroborando com as estimativas, normalmente, encontradas na literatura. Herdabilidades direta de 0,05 a 0,08 e 0,07 a 0,15 para peso ao nascimento, para animais das raças Yorkshire e Landrace respectivamente (ALVES et al., 2018a; ALVES et al., 2018b). Em um estudo de meta-análise, Akanno et al. (2013) reportaram, a partir de oito estudos que avaliaram raças suínas nativas de regiões tropicais, herdabilidade de 0,10 para peso ao nascimento em raças locais. Ao avaliarem animais da raça inglesa Berkshire, Tomiyama et al. (2010) reportaram herdabilidade de 0,07 para peso ao nascimento.

A baixa herdabilidade direta é devido ao peso ao nascimento apresentar maior influência do componente genético materno e ambiente uterino da porca (ALVES et al., 2018a). A herdabilidade materna para peso ao nascimento do presente trabalho corrobora com estimativas de 0,18 a 0,22 em animais da raça Yorkshire (ALVES et al., 2018a; ALVES et al., 2018b) e de 0,19 em animais da raça Berkshire (TOMIYAMA et al., 2010).

Peso ao desmame apresentou estimativa baixa herdabilidade direta (0,05) que é próxima de herdabilidades reportadas por Alves et al. (2018a) para peso ao desmame de 0,03 a 0,04 em animais das raças Yorkshire e de 0,01 em animais das raças Landrace. Enquanto que, ao avaliar suínos negros de Ashanti, raça local de Gana, Darfour Oduro et al. (2009) reportaram herdabilidades de 0,14 a 0,16 para peso ao desmame. Akanno et al. (2013) em estudo de meta-análise de raças locais reportaram herdabilidade de 0,17 para peso ao desmame. A estimativa de herdabilidade materna para peso ao desmame está de acordo com estimativas de 0,11 a 0,13 reportadas por Zhang et al. (2000) e Alves et al. (2018a), porém inferiores as estimativas de 0,24 a 0,25 reportadas por Ilatsia et al. (2008) e Darfour-Oduro et al. (2009). As divergências nas estimativas de parâmetros genéticos para características de peso podem ser atribuídas as diferenças nas populações avaliadas, as quais advém de diferentes raças, linhas ou cruzamentos, uma vez que os componentes de variância são particulares de cada população. As estimativas de baixas herdabilidades indicam que a variabilidade fenotípica é atribuída, principalmente, a fatores não genéticos.

Com relação ao GPMD, a estimativa de herdabilidade direta (0,20) corrobora com as estimativas reportadas por Darfour-Oduro et al. (2009), ao avaliarem suínos negros de Ashanti, estimando herdabilidade direta de 0,21. No entanto, em estudos com raças comerciais foram obtidas estimativas superiores de herdabilidade direta para GPMD, de 0,32 em animais da raça Yorkshire (WURTZ et al., 2017) e 0,46 em animais da raça Large White (ILATASIA et al., 2008). A estimativa de herdabilidade materna (0,10) foi inferior àquelas reportadas para suínos negros de Ashanti de 0,24 (DARFOUR-ODURO et al., 2009) e de 0,18 para Large White (ILATASIA et al., 2008).

O número de tetos apresentou herdabilidade direta moderada (0,29), próxima às estimativas, normalmente, reportadas na literatura. Em estudos que utilizaram modelos incluindo apenas efeito aditivo direto como efeito aleatório, Uzzaman et al. (2018) reportaram herdabilidade de 0,30 em animais da raça Yorkshire. Arakawa et al. (2015) avaliando animais da raça Duroc, encontraram estimativas de 0,34 incluindo informações de animais genotipados

e de 0,43 ao utilizar apenas informações de pedigree. Em estudos que incluíram efeito aditivo direto e efeito comum de leitegada nos modelos utilizados, Van Son et al. (2019) reportaram herdabilidades de 0,28 em animais Duroc, 0,39 em Landrace e 0,41 em Large White. Em estudo incluindo efeito aditivo direto, efeito aditivo materno e efeito comum de leitegada, Tomiyama et al. (2010) reportaram herdabilidade direta de 0,35 e herdabilidade materna de 0,02. Diante as estimativas reportadas no presente estudo e na literatura, percebe-se que número de tetos apresenta pouca influência do componente genético materno e fatores ambientais, podendo apresentar consideráveis ganhos genéticos caso seja realizada seleção para esta característica.

As correlações entre peso ao nascimento e ao desmame e entre peso ao nascimento e GPMD foram fortes e positivas (0,90 e 0,82, respectivamente), corroborando com Darfour Oduro et al. (2009) que estimaram altas correlações genéticas de 1,00 entre peso ao nascimento e peso ao desmame, 0,87 entre peso ao nascimento e ganho de peso pré-desmame. As altas correlações sugerem que um conjunto similar de genes controlam o peso ao nascimento, GPMD e peso ao desmame.

A estimativa de correlação entre GPMD e peso ao desmame foi alta e positiva, (0,99) corroborando com estimativas encontradas em outros estudos (DARFOUR-ODURO et al., 2009; AKANNO et al., 2013). Altas correlações sugerem que ambas características são controladas pelos mesmos genes. Contudo já é esperado alta correlação entre estas duas características, visto que o peso do leitão ao desmame é utilizado no cálculo do GPMD, assim quanto maior o peso ao desmame maior será o GPMD na fase de aleitamento.

Foi encontrada correlações moderadas entre peso ao nascimento e número de tetos (0,58) e entre peso ao desmame e número de tetos (0,38), o que pode ser devido ao fato de número de tetos estar relacionado ao comprimento corporal e comprimento de carcaça (LOPES et al., 2014), pois em diversos estudos de associação genômica-ampla (GWAS) os genes identificados que afetam número de tetos são os mesmos que afetam número de vértebras (DING et al., 2009; DUIJVESTIJN et al., 2014; LOPES et al., 2014; ARAKAWA et al., 2015). Assim, leitões com maior número de tetos, apresentam maior comprimento corporal e tendem a apresentar maior peso ao nascimento.

5.2 Tamanho efetivo e endogamia

Em programas de conservação de recursos genéticos animal, controlar o aumento da endogamia e manter a variabilidade genética são requisitos cruciais (SAURA et al., 2013). O tamanho efetivo reduzido, desde as primeiras gerações, resulta em aumento da taxa de

endogamia ao longo das gerações. Além disso, o tamanho efetivo observado a partir da geração 2 está abaixo do valor de 50, recomendado pela FAO (1998) para a manutenção de recursos genéticos, tornando evidente a necessidade de aumento do tamanho efetivo para a redução da taxa de endogamia.

Avaliando a mesma população do presente estudo, Veroneze et al., (2014) também reportaram coeficientes de relação médio crescentes ao longo gerações, o que é atribuído ao fato da população ter sido expandida a partir de um pequeno rebanho inicial. O aumento do parentesco médio entre os indivíduos, da proporção de indivíduos endogâmicos por geração e redução do tamanho efetivo da população evidencia a redução da variabilidade genética e a necessidade da introdução de animais no rebanho para a redução da endogamia nas gerações futuras. Embora, toda a população atual seja endogâmica e o tamanho efetivo seja reduzido, variância genética aditiva foi observada para todas as características, mostrando a existência de variabilidade genética na população.

5.3 Ajuste da depressão endogâmica

Depressão endogâmica é definida como a redução no valor fenotípico médio de características ligadas à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (FALCONER & MACKAY, 1996). No presente trabalho foi encontrado efeito significativo da endogamia somente para GPMD, revelando que o aumento de 1% da endogamia resulta em redução de 0,005 gramas no GPMD. O coeficiente de regressão não foi significativo para as características avaliadas revelando que não está ocorrendo depressão endogâmica para peso aos nascimento, peso a desmama e número de tetos na população estudada. Esses resultados podem ser atribuídos ao fato de que a maioria dos animais presentes no banco de dados possuem endogamia igual a zero (Figura 1), sendo observado um número reduzido de animais com coeficientes altos de endogamia. O efeito negativo em GPMD, embora pequeno, é preocupante visto que de acordo com a estrutura da população (N_e e AR) espera-se aumento da endogamia nas próximas gerações.

Estudando a depressão endogâmica sobre peso ao nascimento, Mikami et al. (1977) encontraram acréscimo do valor fenotípico da característica diante o aumento do coeficiente de endogamia. Enquanto, Devi e Jayashankar (2014) verificaram que a diferença entre o peso médio das leitegadas ao nascimento de porcas endogâmicas e não-endogâmicas, apesar de considerável, foi não significativa. Mikami et al. (1977) encontraram acréscimos no peso ao desmame com o aumento do coeficiente de endogamia e verificaram, ainda, redução no ganho

de peso pós-desmame. Culbertson et al., (1997) e Devi e Jayashankar (2014) encontraram reduções significativas no peso da leitegada ao desmame devido ao efeito da endogamia. Para a característica de número de tetos e ganho de peso pré-desmame, não foram encontrados na literatura estudos avaliando o efeito da endogamia.

6 CONCLUSÃO

Em animais Piau, peso ao nascimento e peso ao desmame apresentaram baixas herdabilidades diretas, enquanto GPMD e número de tetos apresentaram herdabilidades diretas moderadas. Peso ao nascimento apresentou altas correlações com peso ao desmame e com GPMD, peso ao nascimento e GPMD apresentaram altas correlações entre si, número de tetos apresentou correlações moderadas com peso ao nascimento e peso ao desmame.

Há redução no tamanho efetivo da população de suínos da raça Piau ao longo das gerações, e elevação da endogamia. Efeito negativo da endogamia foi observado para ganho de peso pré-desmama.

REFERÊNCIAS

- AJAYI, B. A.; AKINOKUN, J. O. Evaluation of some litter traits and heritability estimates of Nigerian indigenous pigs. **International Journal of Applied Agriculture and Apiculture Research**, v. 9, n. 1-2, p. 113-119, 2013.
- AKAIKE, Hirotugu. A new look at the statistical model identification. **IEEE transactions on automatic control**, v. 19, n. 6, p. 716-723, 1974.
- AKANNO, E. C. et al. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics. **Livestock Science**, v. 152, n. 2-3, p. 101-113, 2013.
- ALONSO-SPILSBURY, M. et al. Piglet survival in early lactation: a review. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v. 6, n. 1, p. 76-86, 2007.
- ALVES, K. et al. Estimation of direct and maternal genetic parameters for individual birth weight, weaning weight, and probe weight in Yorkshire and Landrace pigs. **Journal of Animal Science**, 96, 2567–2578, 2018a.
- ALVES, K. et al. Estimation of direct and maternal genetic parameters for individual birth weight and probe weight using cross-fostering information. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 98, n. 3, p. 548-556, 2018b.
- ARAKAWA, A. et al. Genome-wide association QTL mapping for teat number in a purebred population of Duroc pigs. **Animal Genetics**, v. 46, n. 5, p. 571-575, 2015.
- BENNEWITZ, J.; SIMIANER, H.; MEUWISSEN, T. H. E. Investigations on merging breeds in genetic conservation schemes. **Journal of dairy science**, v. 91, n. 6, p. 2512-2519, 2008.
- CASELLAS, J. On individual-specific prediction of hidden inbreeding depression load. **Journal of animal breeding and genetics**, v. 135, n. 1, p. 37-44, 2018.
- CAVALCANTE NETO, A. et al. Estimation models of variance components for farrowing interval in swine. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 52, n. 1, p. 69-76, 2009.
- CAVALCANTI, S. de S. **Produção de suínos**. Instituto Campineiro de Ensino Agrícola, 1984.
- CESCONETO, R. J. et al. Landscape genomic approach to detect selection signatures in locally adapted Brazilian swine genetic groups. **Ecology and Evolution**, v. 7, n. 22, p. 9544-9556, 2017.
- CHALKIAS, H.; RYDHMER, L.; LUNDEHEIM, N. Genetic analysis of functional and non-functional teats in a population of Yorkshire pigs. **Livestock Science**, v. 152, n. 2-3, p. 127-134, 2013.
- CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J. H. The genetics of inbreeding depression. **Nature reviews genetics**, v. 10, n. 11, p. 783, 2009.
- CHIMONYO, M.; DZAMA, K. Estimation of genetic parameters for growth performance and carcass traits in Mukota pigs. **Animal**, v. 1, n. 3, p. 317-323, 2007.

CHIMONYO, M.; DZAMA, K.; BHEBHE, E. Genetic determination of individual birth weight, litter weight and litter size in Mukota pigs. **Livestock Science**, v. 105, n. 1-3, p. 69-77, 2006.

CHIMONYO, M.; DZAMA, K.; BHEBHE, E. Genetic determination of mothering ability and piglet growth in indigenous Mukota sows of Zimbabwe. **Livestock science**, v. 113, n. 1, p. 74-80, 2008.

CULBERTSON, M. S. et al. Effects of inbreeding and outbreeding in purebred Hampshire and Duroc swine. **The Professional Animal Scientist**, v. 13, n. 4, p. 194-197, 1997.

CURIK, I.; FERENČAKOVIĆ, M.; SÖLKNER, J. Inbreeding and runs of homozygosity: a possible solution to an old problem. **Livestock Science**, v. 166, p. 26-34, 2014.

DARFOUR-ODURO, K. A. et al. Genetic parameter estimates of growth traits of indigenous pigs in Northern Ghana. **Livestock Science**, v. 125, n. 2-3, p. 187-191, 2009.

DEVI, M. V.; JAYASHANKAR, M. R. Effect of inbreeding on the litter traits of large white yorkshire sows. **Indian Journal of Veterinary and Animal Sciences Research**, v. 10, n. 4, p. 316-322, 2014.

DING, N. et al. Genome-wide QTL mapping for three traits related to teat number in a White Duroc × Erhualian pig resource population. **BMC genetics**, v. 10, n. 1, p. 6, 2009.

DUIJVESTEIJN, N. et al. High-resolution association mapping of number of teats in pigs reveals regions controlling vertebral development. **BMC genomics**, v. 15, n. 1, p. 542, 2014.

e Luo (1992)

EGITO, A. A.; MARIANTE, A. S.; ALBUQUERQUE, M. S. M. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. **Archivos de Zootecnia**, v. 51, n. 193, p. 7, 2002.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. Benjamin Cummings, 1996.

FAO – ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA. **Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: management of small populations at risk**. FAO, Rome, Italy. 215p, 1998.

FERNANDEZ, X. et al. Influence of intramuscular fat content on the quality of pig meat—1. Composition of the lipid fraction and sensory characteristics of m. longissimus lumborum. **Meat Science**, v. 53, n. 1, p. 59-65, 1999.

FISHER, R. A. On the mathematical foundations of theoretical statistics. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical or Physical Character**, v. 222, n. 594-604, p. 309-368, 1922.

FIX, J. S. et al. Effect of piglet birth weight on survival and quality of commercial market swine. **Livestock Science**, v. 132, n. 1-3, p. 98-106, 2010.

GOMES, M. B.; D'AULÍSIO, S. H. G. Estudo da prolificidade da raça suína Piau. **Anais da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**, v. 37, n. 1, p. 179-208, 1980.

GUTIÉRREZ J.P., GOYACHE F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 122, 357–360, 2005.

HEDRICK, P. W.; GARCIA-DORADO, A. Understanding inbreeding depression, purging, and genetic rescue. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 31, n. 12, p. 940-952, 2016.

ILATSIA, E. D. et al. Genetic parameter estimates for growth traits of Large White pigs in Kenya. **South African Journal of Animal Science**, v. 38, n. 3, p. 166-173, 2008.

JORDANA, J. et al. Molecular, genealogical and morphometric characterisation of the Pallaresa, a Pyrenean relic cattle breed: insights for conservation. **Livestock Science**, v. 132, n. 1-3, p. 65-72, 2010.

KAUFMANN, D. et al. Genetic parameters for individual birth and weaning weight and for litter size of Large White pigs. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 117, n. 3, p. 121-128, 2000.

LEROY, G. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. **Animal genetics**, v. 45, n. 5, p. 618-628, 2014.

LIN, L.; SHERMAN, P. D. Cleaning data the Chauvenet way. **The Proceedings of the SouthEast SAS Users Group, SESUG Proceedings, Paper SA11**, 2007.

LOPES, M. S. et al. A genome-wide association study reveals dominance effects on number of teats in pigs. **PloS one**, v. 9, n. 8, p. e105867, 2014.

MACKENZIE, D. I. et al. **Occupancy estimation and modeling: inferring patterns and dynamics of species occurrence**. Elsevier, 2017.

MARIANTE, A. S. et al. Pig biodiversity in Brazil. **Archivos de zootecnia**, v. 52, n. 198, p. 245-248, 2003.

MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, n. 4, p. 305, 1992.

MIKAMI, Hitoshi; FREDEEN, H. T.; SATHER, A. P. Mass selection in a pig population. 2. The effects of inbreeding within the selected populations. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 57, n. 4, p. 627-634, 1977.

MILLIGAN, B. N.; FRASER, D.; KRAMER, D. L. Within-litter birth weight variation in the domestic pig and its relation to pre-weaning survival, weight gain, and variation in weaning weights. **Livestock Production Science**, v. 76, n. 1-2, p. 181-191, 2002.

MISZTAL, I. et al. Manual for 378 BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia, 2014.

MISZTAL, I. **REMLF90 - Manual**. 2002. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf> Acesso em: 15 de março de 2019.

- MUNS, R. et al. Piglet behavior as a measure of vitality and its influence on piglet survival and growth during lactation. **Journal of animal science**, v. 91, n. 4, p. 1838-1843, 2013.
- NEYMAN, Jerzy; PEARSON, Egon S. On the use and interpretation of certain test criteria for purposes of statistical inference: Part I. **Biometrika**, p. 175-240, 1928.
- R CORE TEAM (2019). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <<https://www.R-project.org/>>.
- ROHRER, G. A.; NONNEMAN, D. J. Genetic analysis of teat number in pigs reveals some developmental pathways independent of vertebra number and several loci which only affect a specific side. **Genetics Selection Evolution**, v. 49, n. 1, p. 4, 2017.
- ROUSSET, F. Inbreeding and relatedness coefficients: what do they measure?. **Heredity**, v. 88, n. 5, p. 371, 2002.
- SAURA, M. et al. Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genome-wide data. **Genetics Selection Evolution**, v. 47, n. 1, p. 1, 2015.
- SERÃO, N. V. L. et al. Candidate gene expression and intramuscular fat content in pigs. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 128, n. 1, p. 28-34, 2011.
- SILVA, H. T. et al. Evaluation of Bayesian models for analysis of crude protein requirement for pigs of Brazilian Piau breed. **Scientia Agricola**, v. 76, n. 3, p. 208-213, 2019.
- SOLLERO, B. P. et al. Genetic diversity of Brazilian pig breeds evidenced by microsatellite markers. **Livestock Science**, 123, 8–15, 2009.
- SPRÍCIGO, J. F. W. et al. Phospholipid composition and resistance to vitrification of in vivo blastocyst of a Brazilian naturalized porcine breed. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 71, n. 3, p. 837-847, 2019.
- TOMIYAMA, M. et al. Genetic parameters for preweaning and early growth traits in Berkshire pigs when creep feeding is used. **Journal of animal science**, v. 88, n. 3, p. 879-884, 2010.
- TORO, M. A.; CABALLERO, A. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. **Physiological Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 360, n. 1459, p. 1367-1378, 2005.
- UZZAMAN, M. R. et al. Whole-genome association and genome partitioning revealed variants and explained heritability for total number of teats in a Yorkshire pig population. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 31, n. 4, p. 473, 2018.
- VAN SON, M. et al. A QTL for Number of Teats Shows Breed Specific Effects on Number of Vertebrae in Pigs: Bridging the Gap Between Molecular and Quantitative Genetics. **Frontiers in Genetics**, v. 10, p. 272, 2019. WOLTER et al., 2002;
- VERONEZE, R. et al. Using pedigree analysis to monitor the local Piau pig breed conservation program. **Archivos de zootecnia**, v. 63, n. 241, p. 45-54, 2014.

WELLMANN, R.; BENNEWITZ, J. Key Genetic Parameters for population management. **Frontiers in genetics**, v. 10, p. 667, 2019.

WURTZ, K. E. et al. Estimation of genetic parameters for lesion scores and growth traits in group-housed pigs. **Journal of animal science**, v. 95, n. 10, p. 4310-4317, 2017.

YADAV, A. et al. A review on the concept of inbreeding and its impact on livestock. **International Journal of Fauna and Biological Studies**, v. 6, ed. 5, p. 23-30, 2019.

ZHANG, S. et al. Genetic parameters and genetic trends in the Chinese× European Tiameslan composite pig line. I. Genetic parameters. **Genetics Selection Evolution**, v. 32, n. 1, p. 41, 2000.