

**HENRIQUE TORRES VENTURA**

**MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE  
TAMANHO DE LEITEGADA EM SUÍNOS**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2012

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e  
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

V468m  
2012

Ventura, Henrique Torres, 1981-  
Modelos multicaracterísticos na avaliação genética de  
tamanho de leitegada em suínos / Henrique Torres Ventura.  
– Viçosa, MG, 2012.  
x, 73f. : il. ; 29cm.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Inclui bibliografia.

1. Suíno. 2. Suíno - Melhoramento genético - Métodos  
estatísticos. 3. Genética quantitativa. 4. Teoria bayesiana de  
decisão estatística. I. Universidade Federal de Viçosa.  
Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-Graduação em  
Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 636.40821


HENRIQUE TORRES VENTURA


**MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE  
TAMANHO DE LEITEGADA EM SUÍNOS**


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

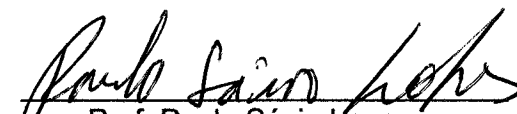
APROVADA: 17 de outubro de 2012.

  
Prof. Fabyano Fonseca e Silva  
(Coorientador)

  
Prof. Aldrin Vieira Pires

  
Prof. Robledo de Almeida Torres

  
Prof. Moysés Nascimento

  
Prof. Paulo Sávio Lopes  
(Orientador)

“Não há um só homem nem uma só  
ação que não tenha a sua  
importância; em todos e através de  
tudo, se desenvolve mais ou menos  
a idéia da humanidade”  
Arthur Schopenhauer

Ao meu pai Francisco e à minha mãe Denise  
Às minhas avós Safira e Voleide

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização do Curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela orientação, pela atenção e pelos ensinamentos.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva, por toda ajuda e pela participação fundamental no desenvolvimento desse trabalho.

Ao Dr. Elsio Antônio Pereira de Figueiredo, pela oportunidade e ajuda.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos e pela atenção.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pelos ensinamentos e pela atenção.

Aos meus pais, por tudo.

Aos colegas de pós-graduação, por toda a ajuda.

À minha namorada Jussara.

À todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização desse trabalho.

## BIOGRAFIA

HENRIQUE TORRES VENTURA, filho de Francisco Xavier Bandeira Ventura e Denise Torres Ventura, nasceu em João Pessoa, Estado da Paraíba, em 18 de agosto de 1981.

Em setembro de 2003, iniciou o curso de Zootecnia pelo Instituto de Zootecnia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, onde esteve envolvido com a realização de trabalhos científicos desde o segundo período.

Em fevereiro de 2008, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

Em março de 2008, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, na área de Melhoramento Genético Animal.

Em fevereiro de 2010, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa.

Em março de 2010, iniciou o curso de Doutorado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa.

Em outubro de 2012, submeteu-se aos exames finais de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Zootecnia.

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b>	vii
<b>ABSTRACT</b> .....	ix
<b>1. INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	1
<b>2. LITERATURA CITADA</b> .....	3
<b>CAPÍTULO I</b>	
Análise Bayesiana de modelos bicaracterísticos linear e Poisson na avaliação genética dentro de partos de características de leitegada em suínos da raça Landrace	
<b>RESUMO</b> .....	4
<b>ABSTRACT</b> .....	6
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	8
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	9
Modelos estatísticos.....	11
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	14
<b>CONCLUSÕES</b> .....	24
<b>LITERATURA CITADA</b> .....	25
<b>CAPÍTULO II</b>	
Análise Bayesiana de modelos tricaracterísticos linear e Poisson na avaliação genética entre partos de características de leitegada em suínos da raça Landrace	
<b>RESUMO</b> .....	29
<b>ABSTRACT</b> .....	31
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	33
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	34
Modelos estatísticos.....	35
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	39
<b>CONCLUSÕES</b> .....	49
<b>LITERATURA CITADA</b> .....	51
<b>CAPÍTULO III</b>	
Utilização de modelos multicaracterístico e de repetibilidade na avaliação genética de características de leitegada em suínos da raça Landrace	
<b>RESUMO</b> .....	54
<b>ABSTRACT</b> .....	56
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	58
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	59
<b>RESULTADOS e DISCUSSÃO</b> .....	63
<b>CONCLUSÕES</b> .....	70
<b>LITERATURA CITADA</b> .....	71
<b>3.CONCLUSÕES GERAIS</b> .....	73

## RESUMO

VENTURA, Henrique Torres, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2012. **Modelos multicaracterísticos na avaliação genética de tamanho de leitegada em suínos.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Co-Orientadores: Fabyano Fonseca e Silva e Elcio Antonio Pereira de Figueiredo.

O objetivo desse estudo foi avaliar geneticamente características de leitegada em suínos da raça Landrace, com a utilização de modelos bicaracterísticos linear e Poisson via metodologia Bayesiana, modelos tricaracterísticos linear e Poisson via metodologia Bayesiana, e modelos multicaracterístico e de repetibilidade via máxima verossimilhança restrita (REML). Foram avaliadas as seguintes características: número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2), número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3), número de leitões desmamados no primeiro parto (NLD1), número de leitões desmamados no segundo parto (NLD2) e número de leitões desmamados no terceiro parto (NLD3). Com os modelos bicaracterístico linear e bicaracterístico Poisson foram realizadas análises bi-características dentro de partos para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados. Com os modelos tricaracterístico linear e tricaracterístico Poisson foram realizadas análises tri-características entre partos com três partições para o número de leitões nascidos e três partições para o número de leitões desmamados. Com os modelos multicaracterístico e de repetibilidade também foram realizadas análises entre partos para as mesmas características. Para as análises bi-características dentro de partos observou-se que as correlações genéticas entre o número de leitões nascidos e o número de leitões desmamados foram positivas e altas no primeiro, segundo e terceiro parto, o que indica que a seleção para aumento número de leitões nascidos resultará em ganho genético no número de leitões desmamados, que é uma característica de maior importância econômica. Com base no DIC (critério de informação da “deviance”) o modelo linear é o mais indicado para se obter as distribuições a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto. Conclui-se que as características número de leitões nascidos e número de leitões desmamados são de baixa herdabilidade e estão

positivamente correlacionadas entre si nas três ordens de parto avaliadas, e que o modelo bicaracterístico linear misto é o mais indicado para avaliar os animais desta população. Para as análises tri-características entre partos foi observado que as herdabilidades no primeiro, segundo e terceiro partos foram pouco diferentes tanto para o número de leitões nascidos, quanto para o número de leitões desmamados. O modelo linear foi o que melhor se ajustou aos dados nas análises tri-características entre partos, para todas as características avaliadas, considerando o DIC (critério de informação da “deviance) como critério de comparação dos modelos. Foi concluído que as características avaliadas neste estudo são de baixa herdabilidade e devem ser analisadas com a utilização de um modelo tricaracterístico linear misto. Para as análises entre partos com os modelos multicaracterístico e de repetibilidade, via REML, observou-se uma tendência de aumento da variância genética aditiva e da herdabilidade ao longo das ordens de parto. Verificou-se que a estimativa de variância genética aditiva para número de leitões nascidos e para número de leitões desmamados no primeiro parto foi a mais discrepante em relação aos valores dessas estimativas para as demais ordens de parto, o que indica que, provavelmente, a expressão dessas características no primeiro parto é controlada por genes ou combinações gênicas diferentes daquelas que regulam a expressão do número de leitões nascidos, e do número de leitões desmamados no segundo e no terceiro parto. Foi possível concluir que o modelo multicaracterístico é o mais indicado para avaliação genética das características número de leitões nascidos número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto.

## ABSTRACT

VENTURA, Henrique Torres, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, october 2012. **Multiple trait models in genetic evaluation of litter traits in pigs.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-Advisers: Fabyano Fonseca e Silva and Elsio Antonio Pereira de Figueiredo.

The aim of this study was to evaluate genetically litter traits in Landrace pigs, with the use of linear and Poisson bi-trait models via Bayesian methodology, linear and Poisson tri-trait models via Bayesian methodology and multi-trait and repeatability models via restricted maximum likelihood (REML). We obtained the following traits: number of piglets at first farrowing (NLN1), number of piglets born at second farrowing (NLN2), number of piglets at third farrowing (NLN3), number of piglets weaned at first farrowing (NLD1) number of piglets weaned at second farrowing (NLD2) and number of piglets weaned at third farrowing (NLD3). The bi-trait linear and bi-trait Poisson models analyzes were performed within parities, and two traits were used in each farrowing: number of piglets born and number of piglets weaned. The tri-trait linear and tri-trait Poisson models were analyzed across three orders of farrowing for the number of piglets born and for number of piglets weaned. Multi-trait models and repeatability model were analyzed across three orders of farrowing with the same traits. For bi-trait analysis within parities was observed that the genetic correlations between the number of piglets born and number of weaned piglets were positive and high in the first, second and third farrowing, which indicates that selection for increased number of piglets born result in genetic gain in the number of piglets weaned, which is a trait of greater economic importance. Based on DIC (deviance information criterion), linear model is the most appropriate to estimate the posterior distributions of heritabilities and genetic correlations for number of piglets born and number of piglets weaned in the first three orders of farrowing because it was the best fit of the data and less degree of complexity based on the criterion used. We conclude that number of piglets born and number of piglets weaned are of low heritability and are positively correlated between then in the three farrowing orders evaluated, and that the bi-trait linear mixed model is the most appropriate to evaluate the animals in this population. For tri-trait across parities analysis was observed that the heritabilities in the first, second and third orders of farrowing were unequal both

for the number of piglets born, and for the number of piglets weaned. The linear model was the best fit in the data for all traits evaluated considering DIC (deviance information criterion) as the criterion for comparing models. It was concluded that the traits evaluated in this study have low heritability and should be analyzed using a tri-trait linear mixed model. For the analyzes with multi-trait and repeatability models across three orders of farrowing, via REML, there was a trend of increased additive genetic variance and heritability along the orders of farrowing. It was found that the estimate of additive genetic variance for number of piglets born and number of piglets weaned at first farrowing was the most discrepant from the values of these estimates for all other orders of farrowing, indicating that probably the expression these characteristics at the first farrowing is controlled by genes or gene combinations other than those that regulate the expression of number of piglets born, and the number of piglets weaned in the second and third farrowing. It was concluded that the multi-trait is the most suitable for genetic evaluation of number of piglets born and number of piglets weaned in the first three orders of farrowing.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

Nos programas de melhoramento de suínos, os ganhos genéticos são obtidos, principalmente, por seleção. De acordo com Gibson (1996), seleção é o processo de escolha dos animais que serão pais da próxima geração, e deve ser baseada nos valores genéticos preditos desses indivíduos. A magnitude do melhoramento genético do rebanho suíno, obtido em cada ano, depende da acurácia dos valores genéticos preditos dos animais, da variabilidade genética da característica e do intervalo de gerações (Kuhlers et al., 2001)

As características reprodutivas são parte importante no complexo sistema da suinocultura. O tamanho da leitegada, principalmente a desmama, determina, em grande parte, a quantidade de animais disponíveis para comercialização. Deste modo, o estudo e o planejamento que visem a obtenção de ganho genético nas características de leitegada, são fundamentais para que se maximize o lucro na produção de suínos.

Diversas metodologias foram estudadas e aplicadas ao longo dos anos para o melhoramento genético de suínos. A metodologia de modelos mistos com o uso do modelo animal tem sido o método escolhido para predição dos valores genéticos dos animais nas últimas décadas. Entre as vantagens desse método estão o fato de proporcionar uma predição não viesada dos valores genéticos, levar em consideração as relações de parentesco, e permitir a comparação de animais em níveis distintos de efeitos fixos (Ferraz e Johnson, 1993; Meyer, 2006; Meyer 2007).

Atualmente, as análises de componentes de variância para características contínuas são baseadas nos modelos mistos com o uso do método de máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971).

Todavia, ainda não se estabeleceu qual a melhor abordagem para avaliação de características discretas, como o número de leitões ao nascimento e o número de leitões a desmama, que vêm sendo avaliadas sob pressuposição de distribuição normal.

Segundo Perez-Enciso et al. (1993), o tamanho de leitegada poderia ser avaliado com a utilização de um modelo Poisson, por se tratar de uma característica de contagem.

Portanto, o objetivo do presente estudo foi avaliar geneticamente características de leitegada em suínos da raça Landrace com a utilização de três diferentes abordagens: 1) avaliação conjunta, dentro de partos, do número de leitões nascidos e do número de leitões desmamados com modelos bicaracterísticos linear e Poisson via metodologia Bayesiana; 2) avaliação conjunta, entre partos, do número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto e avaliação conjunta, entre partos, do número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto, com a utilização de modelos tricaracterísticos linear e Poisson via metodologia Bayesiana; e 3) avaliação conjunta, entre partos, do número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto e avaliação conjunta, entre partos, do número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto com a utilização de modelos multicaracterístico e de repetibilidade, via máxima verossimilhança restrita (REML).

## 2. LITERATURA CITADA

Ferraz, J. B. S. e Johnson, R. K. 1993. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. *Journal of Animal Science*. 71:850.

Gibson, J. P. 1996. Principles of Livestock Improvement for Animal Production Systems. *Swine Breeding and Genetics Notes*. 01: 2351.

Kuhlers, D. L.; Jungst, S. B.; Nadarajah, N. K. 2001. Application of Selection Concepts for Genetic Improvement. *Swine Genetics*. NSFI-FS: 9.

Meyer, K. 2006 WOMBAT – “Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood” In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, Belo Horizonte. Proceedings. I CD-ROM.

Meyer, K. 2007.WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ. Sci. B* 8:815–821

Patterson, H.D. e Thompson, R. 1971. Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrics*. 58: 545-554.

Perez-Enciso, M.; Tempelman, R. J.; Gianola, D. 1993. A comparison between linear and Poisson mixed models for litter size in Iberian pigs. *Livestock Production Science* 35:303-316.

## CAPÍTULO I

### Análise Bayesiana de modelos bicaracterísticos linear e Poisson na avaliação genética dentro de partos de características de leitegada em suínos da raça Landrace

**Resumo:** Objetivou-se neste estudo comparar modelos bicaracterísticos linear e Poisson para avaliação genética de características de leitegada, dentro de partos, em registros de suínos da raça Landrace. As seguintes características foram analisadas: Número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões desmamados no primeiro parto (NLD1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2), número de leitões desmamados no segundo parto (NLD2), número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3) e número de leitões desmamados no terceiro parto (NLD3). Os dados foram analisados em três grupos: NLN1 e NLD1 (primeiro parto), NLN2 e NLD2 (segundo parto), e NLN3 e NLD3 (terceiro parto). Foram conduzidas seis análises bi-características, nas quais cada grupo de dados (primeiro parto, segundo parto ou terceiro parto) foi analisado com a utilização de dois diferentes modelos estatísticos: modelo bicaracterístico linear misto (MBLM) e modelo bicaracterístico Poisson misto (MBPM). Os dois modelos foram ajustados aos dados com a utilização da metodologia Bayesiana. Todas as cadeias dos parâmetros estimados convergiram pelo teste de Geweke. As herdabilidades para número de leitões desmamados (0,06-0,21) foram maiores do que as herdabilidades para número de leitões nascidos (0,02-0,13) nas três ordens de parto. As correlações genéticas entre o número de leitões nascidos e o número de leitões desmamados foram positivas e altas quando obtidas pelo modelo linear no primeiro, segundo e terceiro parto (0,97; 0,97; 0,98), o que indica que a seleção para aumento número de leitões nascidos resultará em ganho genético no número de leitões desmamados, que é uma característica de maior importância econômica. Com base no DIC (critério de informação da “deviance”) o modelo linear é o mais indicado para se estimar as distribuições a posteriori das

herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto, pois foi o de melhor ajuste dos dados e menor grau de complexidade, com base no critério utilizado. A correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e Poisson foi alta, mas ao observar o percentual de indivíduos em comum selecionados com os modelos linear e Poisson, foi possível concluir que mesmo quando a correlação de postos foi alta, uma fração considerável de indivíduos deixaria de ser selecionada com base na escolha do modelo. Conclui-se que as características número de leitões nascidos e número de leitões desmamados são de baixa herdabilidade e estão positivamente correlacionadas entre si nas três ordens de parto avaliadas, e que o modelo bicaracterístico linear misto é o mais indicado para avaliar os animais desta população.

**Palavras-chave:** avaliação genética, características reprodutivas, cadeia de Markov-Monte Carlo, inferência Bayesiana

Bayesian Analysis of linear and Poisson bi-trait models in genetic evaluation  
within parities of litter traits in Landrace pigs

**Abstract:** The aim of this study was to compare linear and Poisson bi-trait models for genetic evaluation of litter traits within parities of Landrace pigs. The following traits were analyzed: Number of piglets born at first farrowing (NLN1), number of piglets weaned at first farrowing (NLD1), number of piglets born at second farrowing (NLN2), number of piglets weaned at second farrowing (NLD2), number of piglets born at third farrowing (NLN3), number of piglets weaned at third farrowing (NLD3). Three groups were formed to analyze the data: NLN1 and NLD1 (first farrowing), NLN2 and NLD2 (second farrowing), NLN3 and NLD3 (third farrowing). Six bi-trait analysis were conducted, in which each group of data (first farrowing, second farrowing or third farrowing) was analyzed with the use of two different statistical models: linear bi-trait mixed model and Poisson bi-trait mixed model. The two models were fitted to the data using the Bayesian methodology. All chains of estimated parameters converged by Geweke test. The heritability for number of piglets weaned (0.06-0.21) were higher than the heritability for number of piglets born (0.02-0.13) in the three orders of farrowing. Genetic correlations between the number of piglets born and number of weaned piglets were positive and high when obtained by the linear model in the first, second and third farrowing (0.97; 0.97; 0.98), which indicates that selection for increased number of born piglets result in genetic gain in the number of weaned piglets, which is a trait of most economic importance. Based on DIC (deviance information criterion), linear model is the most appropriate to estimate the posterior distributions of heritabilities and genetic correlations for number of piglets born and number of weaned piglets in first, second and third farrowing order, because it was the best fit of the data and less complexity, based on the criterion used. The Spearman rank correlation between predicted breeding values with linear and Poisson models was high, but the percentage of individuals selected coincident with linear and Poisson models, showed that even

when the rank correlation was high, a significant part of individuals wouldn't be selected based on the choice of model. We conclude that number of piglets born and number of weaned piglets are low heritability traits and are positively correlated between them in the three orders of farrowing evaluated, and that the bi-trait linear mixed model is the most suitable to evaluate animals in this population.

**Key words:** Bayesian inference, genetic evaluation, Markov chain – Monte Carlo, reproductive traits

## INTRODUÇÃO

As características reprodutivas estão diretamente relacionadas com a eficiência econômica dos sistemas de produção de suínos. Segundo Kim (2000), o desempenho reprodutivo dos animais é ponto crítico na eficiência e lucratividade tanto nos rebanhos núcleos quanto nos rebanhos comerciais.

Verificar a existência de correlação genética entre diferentes características reprodutivas é de fundamental importância para avaliação e seleção dos animais que serão pais da próxima geração, pois o progresso genético de uma característica pode implicar em perdas ou ganhos indiretos nas demais.

Nos programas de melhoramento genético de suínos atuais busca-se aumentar o número de leitões desmamados por porca/ano (Imboonta et al., 2007), e o número de leitões nascidos está entre os fatores que influenciam, direta e indiretamente, no número de leitões desmamados (Pires et al., 2000; Damgaard et al., 2003).

Deste modo, estimar a associação genética entre o número de leitões nascidos e o número de leitões desmamados fornece subsídios para o estabelecimento de estratégias de seleção que visem a maximização dos ganhos genéticos no tamanho de leitegada a desmama.

Historicamente, características de leitegada têm sido avaliadas, em sua grande maioria, com a utilização de metodologias baseadas em modelos lineares mistos (Kim, 2000; Serenius e Stalder, 2004; Holm et al., 2005; Torres Filho et al., 2005; Serenius et al., 2008; Barbosa et al., 2008; Barbosa et al., 2010, Kapell et al., 2011).

No entanto, essas características são de baixa herdabilidade (Rothschild e Bidanel, 1998), e os ganhos genéticos anuais são de pequena magnitude. Deste modo, a avaliação de abordagens alternativas poderia viabilizar a implementação de ferramentas mais eficientes para obtenção de ganho genético nas mesmas.

Segundo Foulley et al. (1987) características de contagem, como o tamanho de leitegada, poderiam ser analisadas com a utilização de um modelo

Poisson, e de acordo com Perez-Enciso et al. (1993) a aplicação deste modelo para avaliação do tamanho de leitegada se justificaria pela forte associação entre essa característica e a taxa de ovulação, que é um processo Poisson.

Poucos trabalhos foram realizados com o intuito de comparar modelos linear e Poisson para avaliação genética de suínos. Perez-Enciso et al. (1993) analisaram os modelos univariados linear e Poisson para avaliação genética de tamanho de leitegada ao nascimento, mas não puderam concluir com exatidão a seu respeito. Além disso, é importante que se proceda a análises com mais de uma característica, com a utilização de modelos multicaracterísticos, para que se possa avaliar a existência de associação genética entre as mesmas.

No âmbito das possíveis abordagens analíticas, a metodologia Bayesiana, de acordo com Sorensen e Gianola (2002), possibilita a implementação de modelos diversos, lineares e não-lineares como o Poisson, via amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo) para estimação de componentes de covariância utilizados na avaliação genética das características de interesse. Na abordagem Bayesiana a ideia é combinar informações estatísticas anteriores à observação dos dados com as informações vindas dos dados para obter uma distribuição a posteriori, a partir da qual as inferências são realizadas (Sorensen e Gianola, 2002).

Deste modo, objetivo do presente estudo foi comparar os modelos bicaracterísticos linear e Poisson para avaliação genética dentro de partos do número de leitões nascidos e do número de leitões desmamados em suínos da raça Landrace, por meio da metodologia Bayesiana via amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo).

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Origem e estrutura dos dados**

Os dados utilizados no presente estudo são originários de suínos da raça Landrace produzidos por uma granja localizada no estado de Santa Catarina, Brasil, no período de 2003 a 2006.

As seguintes características foram analisadas: Número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões desmamados no primeiro parto (NLD1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2), número de leitões desmamados no segundo parto (NLD2), número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3) e número de leitões desmamados no terceiro parto (NLD3).

Quinze grupos contemporâneos foram formados com base no ano e na estação de parição, e aqueles com menos de cinco observações foram eliminados do banco de dados.

O número de indivíduos, número de observações, média e coeficiente de variação para as características analisadas, estão apresentados na tabela 1.

Os dados foram analisados em três grupos: NLN1 e NLD1 (primeiro parto), NLN2 e NLD2 (segundo parto), e NLN3 e NLD3 (terceiro parto).

**Tabela 1.** Número de indivíduos, número de observações, média e coeficiente de variação (CV) para número de leitões nascidos e desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto.

Característica	Número de partos	Média	CV (%)
Grupo primeiro parto			
NLN1	557	10,59	22,78
NLD1	553	9,66	25,49
Grupo segundo parto			
NLN2	422	10,68	26,05
NLD2	411	10,01	26,59
Grupo terceiro parto			
NLN3	348	11,22	23,79
NLD3	349	10,52	25,13

NLN1, NLD1: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro parto, respectivamente; NLN2, NLD2: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no segundo parto, respectivamente; NLN3, NLD3: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no terceiro parto, respectivamente.

## Modelos estatísticos

Foram conduzidas seis análises bi-característica, nas quais cada grupo de dados (primeiro parto, segundo parto ou terceiro parto) foi analisado com a utilização de dois diferentes modelos estatísticos: modelo bicaracterístico linear misto (MBLM) e modelo bicaracterístico Poisson misto (MBPM). Os dois modelos foram ajustados aos dados por amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo), com a utilização da metodologia Bayesiana.

### Modelo bicaracterístico linear misto

Estão apresentados a seguir o modelo bicaracterístico linear misto, sob o enfoque Bayesiano, e as respectivas distribuições para os parâmetros de interesse (Sorensen e Gianola, 2002):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}, \quad (1)$$

em que:

$\mathbf{y}$  é vetor de observações das características, assumindo que a distribuição condicional do mesmo em relação aos parâmetros a serem estimados é Normal multivariada,  $\mathbf{y} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0 \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$  ;

$\mathbf{X}$  e  $\mathbf{Z}$  são, respectivamente, as matrizes de incidência de efeitos fixos e aleatórios genéticos aditivos diretos;

$\boldsymbol{\beta}$  é o vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo, assumindo que a distribuição a priori para o mesmo é dada por uma constante ( $p(\boldsymbol{\beta}) \propto \text{cte}$ ), a qual caracteriza a não-informatividade para o efeito em questão;

$\mathbf{a}$  é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos, cuja distribuição a priori assumida foi  $\mathbf{a} | \mathbf{G}_0, \mathbf{A} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A})$ , sendo  $\mathbf{A}$ , a matriz de relacionamento genético aditivo entre os animais e  $\mathbf{G}_0$  a matriz de co-variância genética aditiva

entre as características,  $\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 \end{bmatrix}$ . Por sua vez, admitiu-se que  $\mathbf{G}_0$

apresenta distribuição Wishart invertida dada por WI ( $v_a, \mathbf{V}_a$ ), cujos valores para os hiper-parâmetros  $v_a$  e  $\mathbf{V}_a$  foram respectivamente, 2 (número de características) e  $\hat{\mathbf{G}}_{0\text{REML}}$ , sendo esta última a notação para a estimativa frequentista (via REML) de  $\mathbf{G}_0$ ;

$\mathbf{e}$  é o vetor de erros aleatórios; cuja distribuição a priori assumida foi  $\mathbf{e} | \mathbf{R}_0 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$ , em que  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade e  $\mathbf{R}_0$  a matriz de co-

variância residual entre as características,  $\mathbf{R}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & \sigma_{e12} \\ \sigma_{e21} & \sigma_{e22}^2 \end{bmatrix}$ . Do mesmo modo

que admitido para  $\mathbf{G}_0$ ,  $\mathbf{R}_0 \sim \text{WI}(v_e, \mathbf{V}_e)$ , sendo os hiperparâmetros especificados analogamente.

Os parâmetros do modelo especificado em (1) foram estimados via inferência bayesiana com a utilização do pacote *MCMCglmm* (Hadfield, 2010) do software R (R Development Core Team, 2011) por meio da especificação *pedigree = c("gaussian", "gaussian")*, a qual indica uma análise bi-característica assumindo distribuição Normal. A partir dos valores gerados ( $k=1,2,\dots,N$  iterações) via amostragem MCMC para os componentes de variância, obtiveram-se as distribuições marginais a posteriori para as herdabilidades e correlações genéticas. Assim, por exemplo, cada valor que constituiu tal distribuição para a herdabilidade da característica 1 foi obtido por  $h_1^{2(k)} = \sigma_{a1}^{2(k)} / (\sigma_{a1}^{2(k)} + \sigma_{e1}^{2(k)})$ . Da mesma forma, cada valor da distribuição a posteriori para a correlação genética entre as características 1 e 2 foi obtido por  $r_{a12}^{(k)} = \sigma_{a12}^{(k)} / \sqrt{\sigma_{a1}^{2(k)} \sigma_{a2}^{2(k)}}$ .

Foi gerada, para cada análise bi-característica, 1 cadeia de 4.000.000 de amostras, e descartou-se as 2.000.000 primeiras amostras (burn-in) e nas 2.000.000 restantes, foram retiradas amostras a cada 50 iterações (thin), o que resultou em cadeias MCMC com tamanho efetivo de 40.000 amostras por parâmetro estimado.

O valor p do critério de Geweke (1992) e a análise dos gráficos das amostras foram usados para o diagnóstico de convergência com a utilização do

pacote *boa* (Smith, 2007) software R (R Development Core Team, 2011). Valores abaixo do nível de significância estabelecido indicam que a cadeia não convergiu (Geweke, 1992).

### Modelo bicaracterístico Poisson misto

O modelo bicaracterístico Poisson misto foi implementado com a utilização da abordagem de Tsionas (2001) sob o enfoque de modelos lineares generalizados mistos expostos por (Hadfield, 2010). Como exemplo, considere a análise bicaracterística envolvendo as variáveis NLN1 e NLD1, número de leitões nascidos no primeiro parto e número de leitões desmamados no primeiro parto, respectivamente.

Adotando  $i=1,2,\dots,n$  como sendo o índice referente a cada animal, e considerando  $\delta_i \sim \text{Poisson}(\lambda = \sum_{i=1}^n (\text{NLN1}_i + \text{NLD1}_i) / n)$ , tem-se a especificação de duas novas variáveis  $y_{i1}$  e  $y_{i2}$ , dadas por:  $y_{i1} = \text{NLN1}_i + \delta_i$  e  $y_{i2} = \text{NLD1}_i + \delta_i$ . Assim, a distribuição de probabilidade conjunta de  $\mathbf{y}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0$ , sendo  $\mathbf{y}_i' = [y_{i1}, y_{i2}]$ ,  $\boldsymbol{\beta}' = [\boldsymbol{\beta}'_1, \boldsymbol{\beta}'_2]$ ,  $\mathbf{a}' = [\mathbf{a}'_1, \mathbf{a}'_2]$ , e  $\mathbf{G}_0$  e  $\mathbf{R}_0$  as matrizes de componentes de variância definidas no tópico anterior, é dada por:

$$P(\mathbf{y}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) = \frac{\exp(\mathbf{x}_{i1}\boldsymbol{\beta}_1 + \mathbf{Z}_{i1}\mathbf{a}_1)^{y_{i1}-\delta_i}}{\exp(\exp(\mathbf{x}_{i1}\boldsymbol{\beta}_1 + \mathbf{Z}_{i1}\mathbf{a}_1))(y_{i1} - \delta_i)!} \frac{\exp(\mathbf{x}_{i2}\boldsymbol{\beta}_2 + \mathbf{Z}_{i2}\mathbf{a}_2)^{y_{i2}-\delta_i}}{\exp(\exp(\mathbf{x}_{i2}\boldsymbol{\beta}_2 + \mathbf{Z}_{i2}\mathbf{a}_2))(y_{i2} - \delta_i)!}$$

Diante do exposto, tendo em vista a abordagem geral de Hadfield (2010), tem-se que:  $P(\lambda_i | \mathbf{y}_i, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) = P(\mathbf{y}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) P(\mathbf{e}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0)$ , em que

$$P(\mathbf{e}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) = (2\pi)^{-p/2} |\mathbf{R}|^{-1/2} \exp\left[-\frac{1}{2}(\mathbf{e}_i' \mathbf{R}^{-1} \mathbf{e}_i)\right],$$

em que  $p$  é o número de variáveis,  $\mathbf{e}_i = \lambda_i - \mathbf{X}_i\boldsymbol{\beta}_i + \mathbf{Z}_i\mathbf{a}_i$  e  $\mathbf{R} = \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I}$ .

Sob a abordagem utilizada (Hadfield, 2010), é possível utilizar as mesmas distribuições a priori utilizadas ao se considerar o modelo linear (Normal), e, além disso, também é possível estimar as matrizes de co-variâncias genéticas

aditivas e residuais e calcular herdabilidades e correlações genéticas sob o mesmo enfoque.

Os parâmetros do modelo bicaracterístico Poisson misto foram estimados via inferência bayesiana com a utilização do pacote *MCMCglmm* (Hadfield, 2010) do software R (R Development Core Team, 2011) por meio da especificação *pedigree = c("poisson", "poisson")*, a qual indica uma análise bicaracterística assumindo distribuição Poisson.

Foi gerada, para cada análise bi-característica, 1 cadeia de 4.000.000 de amostras, e descartou-se as 2.000.000 primeiras amostras (burn-in) e nas 2.000.000 restantes, foram retiradas amostras a cada 50 iterações (thin), o que resultou em cadeias MCMC com tamanho efetivo de 40.000 amostras por parâmetro estimado.

O diagnóstico de convergência foi realizado com a mesma abordagem do modelo bicaracterístico linear misto.

Os modelos bicaracterístico linear misto e bicaracterístico Poisson misto foram comparados pelo Critério de Informação da Deviance (DIC), desenvolvido por Spiegelhalter et al. (2002):  $DIC = D(\bar{\theta}) + 2p_D$  em que,  $D(\bar{\theta})$  é o desvio avaliado na média a posteriori e  $p_D$  é o número efetivo de parâmetros do modelo. Modelos com menores valores de DIC são os que se ajustam melhor aos dados com um menor grau de complexidade.

Foram obtidos os coeficientes de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos bicaracterístico linear misto e bicaracterístico Poisson misto, e o percentual de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes (10, 20 e 50%), com base nos dois modelos utilizados nas análises.

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

As cadeias de todos os parâmetros convergiram ( $p > 0,05$ ) pelo teste de Geweke (Tabela 2). O tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obtenção de estimativas acuradas das herdabilidades e correlações genéticas, com base

nos baixos valores do erro Monte Carlo (Tabela 2). Quanto maior o número de amostras, menor será o erro Monte Carlo (Blasco et al., 2003 e Blasco, 2005).

A autocorrelação entre amostras gera longas sequências nas quais pouco se observa mudança, o que causa um engano a respeito da convergência (Sorensen e Gianola, 2002). Foram observados baixos valores de r-Lag50 (Tabela 2), o que significa que as amostras utilizadas neste estudo, que foram retiradas a cada 50 iterações, são independentes, ou que não são significativamente correlacionadas entre si.

Os gráficos com as Distribuições marginais a posteriori, obtidas com o Modelo Poisson e com o Modelo Linear, das herdabilidades para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro partos e da correlação genética entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro partos estão nas figuras 1,2 e 3, respectivamente.

Foi possível observar que as distribuições marginais a posteriori dos parâmetros estimados (herdabilidades e correlações genéticas) para as características número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto, são assimétricas (Figuras 1, 2 e 3). Quando se utilizou modelo linear, o grau de assimetria foi maior ao comparar com as distribuições marginais das herdabilidades e correlações genéticas a posteriori geradas com a utilização do modelo Poisson.

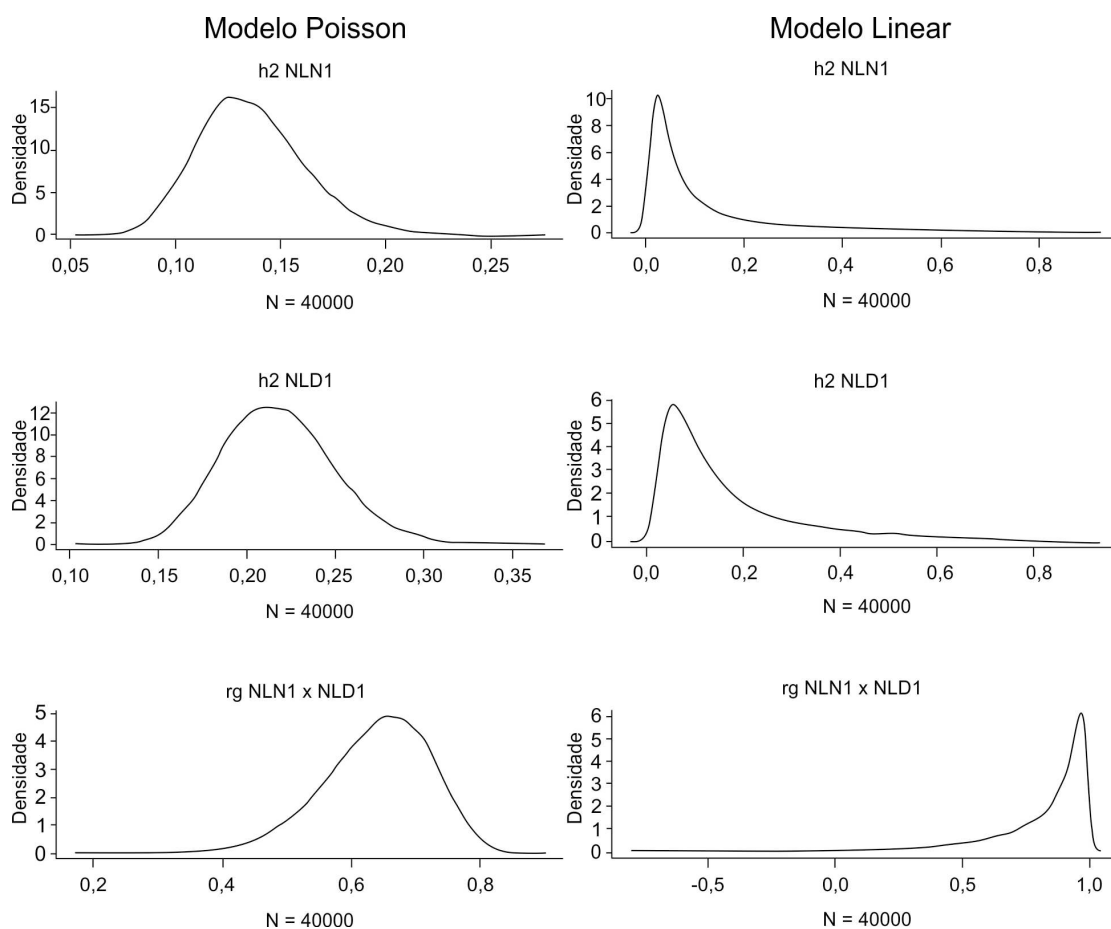
Os valores de média e moda a posteriori dos parâmetros obtidos com o modelo Poisson foram pouco divergentes entre si nas três partições (Tabela 2), o que significa que o grau de assimetria foi baixo, e que, neste caso, ambos podem ser utilizados como estimadores Bayesianos.

Contudo, a divergência entre os valores de média e moda a posteriori dos parâmetros obtidos com o modelo linear foi consideravelmente maior nas três ordens de parto (Tabela 2), o que indica maior grau de assimetria. Por essa razão, o estimador Bayesiano das herdabilidades e correlações genéticas considerado neste estudo foi a moda a posteriori.

**Tabela 2.** Moda, média, desvio padrão, r-Lag50, erro MC e Geweke p-valor da distribuição a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro partos obtidos com os modelos linear e Poisson.

Parâmetro	Moda	Média	Desvio Padrão	r-Lag50	Erro MC	Geweke p-valor
Modelo linear						
h2NLN1	0,03	0,13	0,1572	0,0360	0,0032	0,8412
h2NLD1	0,06	0,18	0,1629	0,0261	0,0030	0,8198
rg NLN1 x NLD1	0,97	0,83	0,1975	0,0061	0,0032	0,8996
h2NLN2	0,02	0,11	0,1599	0,0143	0,0041	0,2490
h2NLD2	0,04	0,14	0,1588	0,0105	0,0038	0,2298
rg NLN2 x NLD2	0,97	0,84	0,1699	0,0016	0,0023	0,4897
h2NLN3	0,02	0,12	0,1651	0,0083	0,0037	0,3591
h2NLD3	0,04	0,14	0,1642	0,0008	0,0035	0,3374
rg NLN3 x NLD3	0,98	0,86	0,1443	-0,0031	0,0019	0,8422
Modelo Poisson						
h2NLN1	0,13	0,14	0,0252	0,0010	0,0001	0,7858
h2NLD1	0,21	0,22	0,0309	0,0022	0,0002	0,4871
rg NLN1 x NLD1	0,65	0,64	0,0826	0,0031	0,0004	0,3408
h2NLN2	0,13	0,14	0,0288	0,0087	0,0001	0,7997
h2NLD2	0,21	0,22	0,0343	0,0012	0,0002	0,4388
rg NLN2 x NLD2	0,69	0,66	0,0869	-0,0049	0,0003	0,0503
h2NLN3	0,13	0,14	0,0293	0,0029	0,0001	0,9950
h2NLD3	0,21	0,22	0,0351	0,0056	0,0002	0,3445
rg NLN3 x NLD3	0,66	0,64	0,0937	0,0019	0,0004	0,9673

h2NLN1, h2NLD1: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados, respectivamente, no primeiro parto; rg NLN1 x NLD1: correlação genética a posteriori entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro parto. h2NLN2, h2NLD2: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados, respectivamente, no segundo parto; rg NLN2 x NLD2: correlação genética a posteriori entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no segundo parto. h2NLN3, h2NLD3: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados, respectivamente, no terceiro parto; rg NLN3 x NLD3: correlação genética a posteriori entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no terceiro parto. r-Lag50: correlação entre duas amostras  $Y_t$  e  $Y_{t+50}$ . Erro MC: erro Monte Carlo; Geweke p-valor: valor p do teste de convergência Geweke.



**Figura 1.** Distribuições marginais a posteriori das herdabilidades para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro parto e da correlação genética entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro parto obtidas com o Modelo Poisson e com o Modelo Linear. h2 NLN1, h2 NLD1: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados, respectivamente, no primeiro parto; rg NLN1 x NLD1: correlação genética a posteriori entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro parto.

Segundo Blasco (2001) a moda é o valor mais provável de um parâmetro que se pode inferir dado o conjunto de dados, o que justifica o seu uso como estimador bayesiano.

As estimativas de herdabilidade para número de leitões nascidos e para número de leitões desmamados obtidas com ambos os modelos utilizados (linear e Poisson) no primeiro, segundo e terceiro partos (Tabela 2), estiveram

próximos aos valores encontrados na literatura, que variaram de 0,01 a 0,10 para número de leitões nascidos e de 0,01 a 0,17 para número de leitões desmamados (Kim, 2000; Chen et al., 2003; Su e Sorensen, 2007; Lourenço et al., 2008; Kappel et al., 2009; Ziedina et al., 2011).

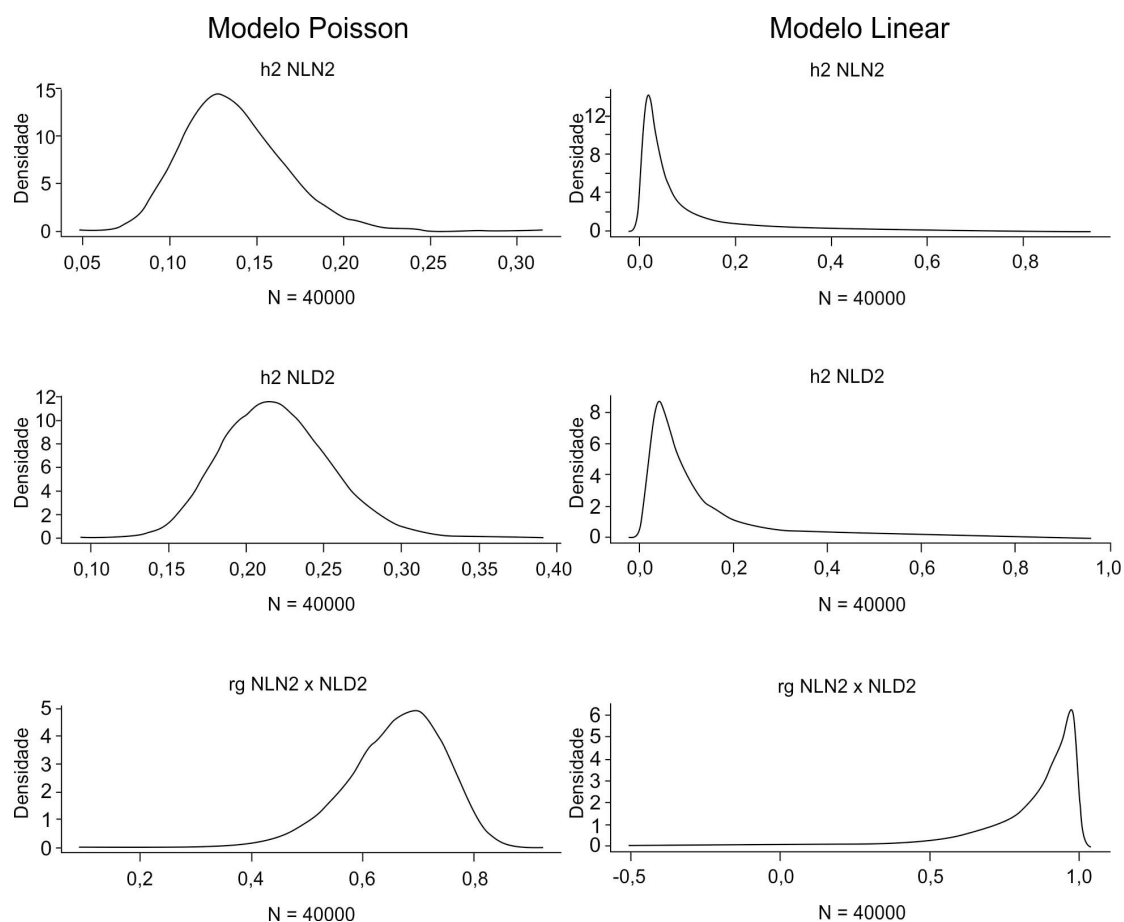
As herdabilidades para número de leitões desmamados foram discretamente maiores do que as herdabilidades para número de leitões nascidos nas três ordens de parto, tanto com o modelo linear, quanto com o modelo Poisson (Tabela 2).

Esses resultados permitem inferir que a seleção para tamanho de leitegada a desmama na população aqui estudada, pode ser mais eficiente do que a seleção para tamanho de leitegada ao nascimento, uma vez que a variabilidade genética foi maior para a característica número de leitões desmamados ao comparar com a característica número de leitões nascidos, nas três ordens de parto analisadas.

Todavia, faz-se importante destacar que a pequena divergência observada entre os valores das estimativas de herdabilidade para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados pode implicar que a seleção praticada para essas características não resultaria em resposta consideravelmente diferente.

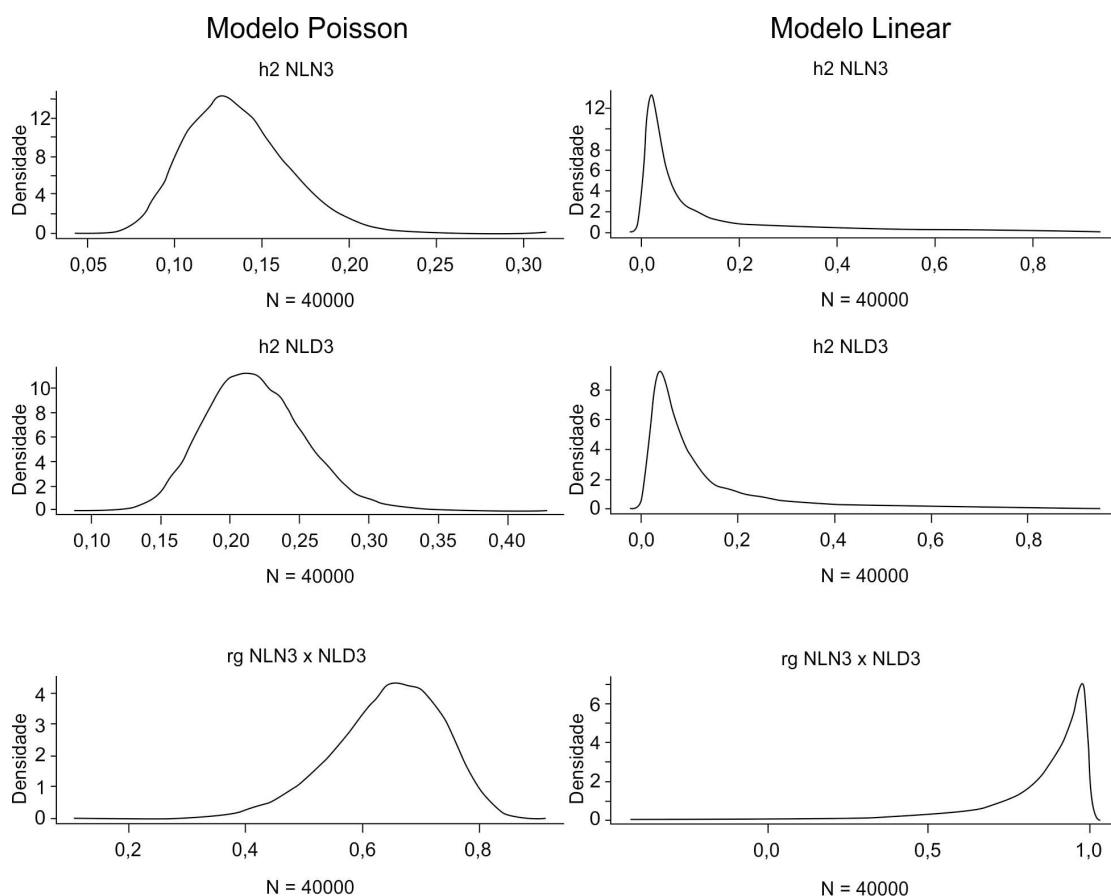
Resultados discordantes ao do presente estudo foram encontrados por Kappel et al. (2009) ao utilizar a metodologia Bayesiana para estimar herdabilidades para essas características em suínos da raça Large White. Os autores observaram que a herdabilidade para número de leitões desmamados foi menor do que a herdabilidade para número de leitões nascidos.

No entanto, em trabalhos realizados por Su et al. (2007), Lourenço et al. (2008) e Ziedina et al. (2011) foram observadas herdabilidades, obtidas via máxima verossimilhança restrita (REML), maiores para número de leitões desmamados em porcas Landrace ao comparar com as herdabilidades para número de leitões nascidos, como foi verificado neste estudo.



**Figura 2.** Distribuições marginais a posteriori das herdabilidades para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no segundo parto e da correlação genética entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no segundo parto obtidas com o Modelo Poisson e com o Modelo Linear. h2 NLN2, h2 NLD2: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados, respectivamente, no segundo parto; rg NLN2 x NLD2: correlação genética a posteriori entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no segundo parto.

As correlações genéticas entre o número de leitões nascidos e o número de leitões desmamados foram positivas e altas quando obtidas pelo modelo linear no primeiro, segundo e terceiro parto (Tabelas 2, 3 e 4). Ao se utilizar o modelo Poisson, as correlações genéticas entre as características avaliadas foram positivas, mas não foram tão altas quanto as obtidas pelo modelo linear.



**Figura 3.** Distribuições marginais a posteriori das herdabilidades para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no terceiro parto e da correlação genética entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no terceiro parto obtidas com o Modelo Poisson e com o Modelo Linear. h2 NLN3, h2 NLD3: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados, respectivamente, no terceiro parto; rg NLN3 x NLD3: correlação genética a posteriori entre número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no terceiro parto.

Su et al. (2007) obtiveram estimativa de correlação genética, via REML, entre o número de leitões nascidos e o número de leitões desmamados igual a 0,72. Kim (2000) observaram correlações genéticas, obtidas via máxima verossimilhança restrita (REML), entre as características supracitadas iguais a 0,81, 0,86 e 0,77 no primeiro, segundo e terceiro parto, respectivamente, o que se aproxima mais dos resultados obtidos no presente estudo.

Correlações genéticas altas entre duas características, como as observadas entre o número de leitões nascidos e o número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto, indicam que, na maioria das vezes, as mesmas são controladas pelos mesmo genes ou combinações gênicas (Falconer e Mackay, 1996).

Deste modo, a seleção para aumento número de leitões nascidos resultaria em ganho genético no número de leitões desmamados, que é uma característica de maior importância econômica, de acordo com Imboonta et al. (2007), para os sistemas de produção de suínos.

Todavia, é importante destacar que a seleção contínua para número de leitões nascidos pode resultar em um aumento expressivo na taxa de mortalidade de leitões no período pre-desmama, por causar, entre outros efeitos, um aumento na variabilidade no peso dos leitões (Marchant et al., 2000; Lay et al., 2002). Por essa razão, ao se estabelecer estratégias de seleção para o tamanho de leitegada, deve-se levar em conta as associações genéticas entre a característica selecionada e a sobrevivência dos leitões no período pre-desmama.

De acordo com Su et al. (2007) a seleção para número de leitões nascidos resultaria em melhor resposta indireta no número de leitões desmamados caso seja feita com base na contagem de leitões realizada no quinto dia após o nascimento. Os autores observaram que existe uma correlação genética positiva entre número de leitões no quinto dia e sobrevivência. Assim, a seleção para tamanho de leitegada no quinto dia, parece ser uma alternativa viável para o incremento no tamanho da leitegada a desmama.

Na tabela 3 estão apresentados os valores do critério de informação da deviance (DIC) dos modelos linear e Poisson para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto.

Foi observado que nas análises do número de leitões nascidos e do número de leitões desmamados nas três ordens de parto avaliadas, o valor do DIC foi menor quando se utilizou o modelo linear. Esses resultados indicam que,

baseado nesse critério, o modelo linear é o mais indicado para se estimar as distribuições a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto, pois de acordo com Spiegelhalter et al. (2002) valores menores de DIC indicam modelos com melhor ajuste dos dados e menor grau de complexidade.

**Tabela 3.** Critério de informação da deviance (DIC) dos modelos linear e Poisson para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto.

	NLN1 x NLD1	NLN2 x NLD2	NLN3 x NLD3
Modelo linear	4400,913	3297,048	2615,729
Modelo Poisson	5867,722	4498,970	3776,143

NLN1, NLD1: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro parto, respectivamente; NLN2, NLD2: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no segundo parto, respectivamente; NLN3, NLD3: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no terceiro parto, respectivamente.

Tendo em vista os valores de DIC nota-se que o modelo bicaracterístico linear apresentou um melhor ajuste em relação ao modelo bicaracterístico Poisson. Assim, embora os fenótipos utilizados sejam caracterizados como variáveis discretas, mais precisamente contagens, uma distribuição contínua, no caso a Normal, descreveu melhor o comportamento de tais variáveis em relação a uma distribuição discreta, neste caso a Poisson. Este resultado pode ser explicado pelo fato da distribuição Poisson ser assimétrica a direita, e assim mesmo que seja contínua, a simetria considerada na distribuição Normal garantiu o melhor ajuste, possivelmente por estar mais condizente com a distribuição observada dos dados amostrais. Outra possível explicação, é que a distribuição de Poisson assume que a média da variável é igual a sua variância, condição esta que pode não ter sido verificada ao utilizar os dados em questão. Dessa forma, seria interessante considerar em futuros estudos outras

distribuições para variáveis aleatórias discretas nas quais tal pressuposição não precisa ser verificada, como por exemplo, a Binomial Negativa.

A correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e Poisson, e o percentual de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, com base nos dois modelos estão expostos na tabela 4. Com base nos valores de correlação de postos observados é possível inferir que existe alta associação entre as classificações dos animais avaliados sob os modelos linear e Poisson na primeira e na segunda ordem de parto para as duas características analisadas neste estudo. Além disso, foi possível observar que para a terceira ordem de parto os valores de correlação de postos são os menores, ao comparar com as demais ordens de parto, para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados.

**Tabela 4.** Correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e Poisson, e percentual de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, com base nos dois modelos.

Característica	r	Percentual de indivíduos em comum selecionados em níveis crescentes		
		10%	20%	50%
NLN1	0,97	85,71	83,92	94,28
NLD1	0,97	85,71	86,60	95,00
NLN2	0,93	83,92	88,39	82,85
NLD2	0,94	80,35	89,28	83,57
NLN3	0,90	80,35	92,85	80,71
NLD3	0,89	87,50	90,18	76,43

NLN1, NLD1: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no primeiro parto, respectivamente; NLN2, NLD2: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no segundo parto, respectivamente; NLN3, NLD3: número de leitões nascidos e número de leitões desmamados no terceiro parto, respectivamente; r: Correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e Poisson.

Todavia, ao observar o percentual de indivíduos coincidentes selecionados com os modelos linear e Poisson, foi possível concluir que mesmo quando a correlação de postos foi alta, uma fração considerável de indivíduos deixaria de ser selecionada com base na escolha do modelo. Deste modo, os ganhos

genéticos para as características avaliadas poderiam ser diminuídos caso não se utilizasse o modelo que proporciona o melhor ajuste, segundo o critério de informação da deviance (DIC).

### **CONCLUSÕES**

As características número de leitões nascidos e número de leitões desmamados são de baixa herdabilidade e estão positivamente correlacionadas entre si nas três ordens de parto avaliadas nesta população.

O modelo bicaracterístico linear misto foi o que melhor ajustou os dados ao comparar com o modelo bicaracterístico Poisson misto, e deste modo é o mais indicado para avaliar os animais desta população.

## LITERATURA CITADA

Barbosa, L.; Lopes P.S.; Regazzi, A.J. et al. 2008. Estimação de parâmetros genéticos em tamanho de leitegada de suínos utilizando análises de características múltiplas. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 11:1947-1952.

Barbosa, L.; Lopes P.S.; Regazzi, A.J.; Torres, R.A. et al. 2010. Estimation of variance components: genetic parameters and genetic trends for litter size of swines. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 39(10): 2155-2159.

Blasco, A. 2001 The Bayesian controversy in animal breeding. *Journal of Animal Science*. 79: 2023–2046.

Blasco, A.; Piles, M.; Varona, L. 2003. A Bayesian analysis of the effect of selection for growth rate on growth curves in rabbits. *Genetic Selection Evolution*. 35:21-41.

Blasco, A. 2005. The use of Bayesian statistics in meat quality analyses: a review. *Meat Science*. 69:115–122.

Chen, P.; Baas, T.J.; Mabry, J.W.; Koehler, K.J. 2003. Genetic correlations between lean growth and litter traits in U.S. York-shire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *Journal of Animal Science*. 81:1700-1705.

Damgaard, L. H.; Rydhmer, L.; Lovendahl, P.; Grandinson, K. 2003. Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling. *Journal of Animal Science*. 81:604–610.

Falconer DS, Mackay TFC: *Introduction to quantitative genetics*, 4th edn. London: Longman, 1996.

Foulley, J.L.; Gianola, D.; Im, S., 1987. Genetic evaluation of traits distributed as Poisson- binomial with reference to reproductive traits. *Theoretical and Applied Genetics*. 73: 870-877.

Geweke, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: Bernardo, J. M.; Berger, J. O.; Dawid, A. P.; Smith, A.F.M. (Eds.) 1992. *Bayesian statistics 4*. Oxford: Clarendon. p. 625-631.

Hadfield, J. 2010. MCMC Methods for Multi-Response Generalized Linear Mixed Models: The MCMCgmm R Package. *Journal of Statistical Software*. 33:1-22.

Holm, B.; Bakken, M.; Vangen, O; Rekaya, R. 2005. Genetic analysis of age at first service, return rate, litter size, and waning-to-first service interval of gilts and sows. *Journal of Animal Science*. 83: 41-48.

Imboonta, N.; Rydhmer, L.; Tumwasorn, S. 2007. Genetic parameters for reproduction and production traits of Landrace sows in Thailand. *Journal of Animal Science*. 85: 53–59.

Kapell, D.N.R.G., Ashworth, C.J., Walling, G.A., Lawrence, A.B., Edwards, S.A., Roehe, R., 2009. Estimation of genetic associations between reproduction and production traits based on a sire and dam line with common ancestry. *Animal*. 3: 1354–1362.

Kapell, D.N.R.G.; Ashworth, C.J.; Knap, P.W.; Roehe, R. 2011. Genetic parameters for piglet survival, litter size and birth weight or its variation within litter in sire and dam lines using Bayesian analysis. *Livestock Science* 135:215-224.

Kim, H. J. 2000. *Genetic Parameters for Productive and Reproductive Traits of Sows in Multiplier Farms*. Ph.D. Thesis, Georg-August-University of Gottingen, Goettingen, Germany.

Lay Jr., D.C., Matteri, R.L., Carroll, J.A., Fangman, T.J., Safranski, T.J., 2002. Preweaning survival in swine. *Journal of Animal Science*. 80:74-86.

Lourenço, F.F.; Dionello, N.J.L.; Medeiros, G.C.R. et al. 2008. Estudos genéticos sobre a leitegada de suínos da raça Large White criados no Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 37: 1959-1964.

Marchant, J.N., Rudd, A.R., Mendl, M.T., Broom, D.M., Meridith, M.J., Corning, S., Simmons, P.H., 2000. Timing and causes of piglet mortality in alternative and conventional farrowing systems. *Veterinary Record*. 147: 209-214.

Perez-Enciso, M.; Tempelman; R. J.; Gianola, D. 1993. A comparison between linear and Poisson mixed models for litter size in Iberian pigs. *Livestock Production Science* 35:303-316.

Pires, A. V.; Lopes, P. S.; Torres, R. A. et al. 2000. Estimação de parâmetros genéticos de características reprodutivas em suínos. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 29: 1698-1705.

Rothschild, M. F. e Bidanel, J. P. 1998. *Biology and genetics of reproduction*. Pages 313–343 in *The Genetics of the Pig*. M. F. Rothschild and A. Ruvinsky, ed. CAB International, University Press, Cambridge, UK.

R Development Core Team R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria (disponível em: <http://www.R-project.org>; último acesso: Janeiro 2012).

Serenius, T. e Stalder, K.J. 2004. Genetics of length of productive life and lifetime prolificacy in the Finnish Landrace and Large White pig populations. *Journal of Animal Science*. 82:3111–3117.

Serenius, T.; Stalder; K.J.; Fernando, R.L. 2008 Genetic associations of sow longevity with age at first farrowing, number of piglets weaned, and wean to insemination interval in the Finnish Landrace swine population. *Journal of Animal Science*. 86: 3324-29.

Sorensen, D. e Gianola, D. 2002. *Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics*. Springer-Verlag.

Spiegelhalter, D. J.; Best, N.G.; Carlin, B.P.; Linde, A. 2002. Bayesian Measures of Model Complexity and Fit. *Journal of the Royal Statistical Society*. 64:1-34.

Su, G., Lund, M.S., Sorensen, D., 2007. Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. *Journal of Animal Science* 85: 1385-1392.

Torres Filho, R. A.; Torres, R. A.; Lopes, P. S. et al. 2005. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas de suínos. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*. 57: 684-689.

Tsionas, E.G. 2001. Bayesian multivariate Poisson regression. *Communications in Statistics – Theory and Methods* 30(2):243-255.

Ziedina, I.; Jonkus, D.; Paura, L. 2011. Genetic and Phenotypic Parameters for Reproduction Traits of Landrace Sows in Latvia. *Agriculturae Conspectus Scientificus*. 76:3:219-222.

## CAPITULO II

### Análise Bayesiana de modelos tricaracterísticos linear e Poisson na avaliação genética entre partos de características de leitegada em suínos da raça Landrace

**Resumo:** O objetivo desse trabalho foi analisar os modelos tricaracterísticos linear e Poisson na avaliação genética entre partos das características número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2), número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3), número de leitões desmamados no primeiro parto (NLD1), número de leitões desmamados no segundo parto (NLD2) e número de leitões desmamados no terceiro parto (NLD3), em suínos da raça Landrace. Os dados foram divididos em dois grupos, sendo um com as características NLN1, NLN2 e NLN3 (grupo NLN) e outro com as características NLD1, NLD2 e NLD3 (grupo NLD). Foram realizadas quatro análises tri-características, em que cada grupo de dados (NLN ou NLD) foi analisado por meio de dois diferentes modelos estatísticos: modelo tricaracterístico linear misto (MTLM) e modelo tricaracterístico Poisson misto (MTPM). A metodologia Bayesiana via amostragem MCMC, foi utilizada para estimar herdabilidades e correlações genéticas. A moda foi utilizada como estimador Bayesiano de todos os parâmetros e para todas as características devido à assimetria das distribuições a posteriori. As estimativas de herdabilidade para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro partos foram baixas (0,02; 0,02; 0,03) e a estimativa de herdabilidade para esta característica na terceira ordem de parto (0,03) diferiu pouco das demais quando se utilizou o modelo linear. As estimativas de correlação genética entre o número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto foram altas, mas diferentes da unidade, quando o modelo linear foi utilizado ( $NLN1 \times NLN2 = 0,89$ ;  $NLN1 \times NLN3 = 0,88$ ;  $NLN2 \times NLN3 = 0,89$ ). As herdabilidades estimadas com o modelo Poisson para número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto foram baixas e não diferiram entre si

(0,08;0,08;0,08), e as correlações genéticas estimadas com esse modelo foram consideravelmente baixas ( $NLN1 \times NLN2 = 0,15$ ;  $NLN1 \times NLN3 = 0,12$ ;  $NLN2 \times NLN3 = 0,18$ ). De acordo com o DIC (critério de informação da “deviance”) o modelo linear foi o que melhor se ajustou aos dados para a característica número de leitões nascidos nas três ordens de parto. As herdabilidades para número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto, obtidas com o modelo linear foram baixas (0,02; 0,01; 0,02) e a estimativa referente ao segundo parto (0,01) foi diferente das obtidas no primeiro e no terceiro partos. As correlações genéticas a posteriori entre número de leitões desmamados no primeiro e segundo parto, primeiro e terceiro parto e segundo e terceiro parto pouco divergiram entre si, e foram altas, mas distintas da unidade ( $NLD1 \times NLD2 = 0,87$ ;  $NLD1 \times NLD3 = 0,88$ ;  $NLD2 \times NLD3 = 0,89$ ). As estimativas de herdabilidade para número de leitões desmamados obtidas com o modelo Poisson foram baixas e não divergentes entre si (0,09; 0,09; 0,09), e as correlações genéticas entre o número de leitões desmamados nas três ordens de parto foram notadamente baixas ( $NLD1 \times NLD2 = 0,17$ ;  $NLD1 \times NLD3 = 0,12$ ;  $NLD2 \times NLD3 = 0,16$ ). O modelo linear foi o que melhor se ajustou aos dados, com um menor grau de complexidade, para a característica número de leitões desmamados, ao considerar o DIC (critério de informação da “deviance”). Os coeficientes de correlação de postos observados indicam que os valores genéticos dos reprodutores obtidos com os dois modelos estão consideravelmente correlacionados, mas verificou-se que alguns indivíduos selecionados seriam diferentes de acordo com o modelo, e a utilização do modelo que melhor ajustou os dados pode evitar a seleção errônea dos animais. Foi concluído que as características avaliadas neste estudo são de baixa herdabilidade e devem ser analisadas com a utilização de um modelo tricaracterístico linear misto.

**Palavras-chave:** avaliação genética, características reprodutivas, metodologia Bayesiana, ordens de parto

Bayesian analysis of linear and Poisson tri-trait models in genetic evaluation  
across parities of litter traits in Landrace pigs

**Abstract:** The aim of this study was to analyze the linear and Poisson tri-trait models for the genetic evaluation of the following litter traits: number of piglets at first farrowing (NLN1), number of piglets at second farrowing (NLN2), number of piglets at third farrowing (NLN3), number of piglets weaned at first farrowing (NLD1), number of piglets weaned at second farrowing (NLD2) and number of piglets weaned at third farrowing (NLD3) in Landrace pigs. Data were divided into two groups, one with the traits NLN1, NLN2, NLN3 (NLN group) and another with the traits NLD1, NLD2, NLD3 (NLD group). There were four tri-trait analyzes, where each group of data (NLN or NLD) was analyzed using two different statistical models: linear tri-trait mixed model and Poisson tri-trait mixed model. Bayesian inferences via MCMC sampling were used to estimate heritability and genetic correlations. The mode was used as Bayesian estimator for all parameters and all the traits due to the asymmetry of the posterior distributions. Heritability estimates for number of piglets born in the first, second and third farrowing were low (0.02; 0.02; 0.03) and the heritability estimate for this trait in the third order of farrowing (0.03) differed from the others, when using the linear model. Estimates of genetic correlation among the number of piglets born in the first three orders of farrowing were high, but different from unity when the linear model was used (NLN1xNL2=0.89; NLN1xNLN3=0.88; NLN2xNLN3=0.89). Heritability estimates with the Poisson model for number of piglets born in the first three orders of farrowing were low and did not differ (0.08; 0.08; 0.08), and the genetic correlations estimated with this model were quite low (NLN1xNL2=0.15; NLN1xNLN3=0.12; NLN2xNLN3=0.18). According to the DIC (deviance information criterion) linear model was the best fit for the data of number of piglets born in the three orders of farrowing. The heritability for number of piglets weaned in the first three orders of farrowing, obtained with the linear model were low (0.02; 0.01; 0.02) and the estimate for the second farrowing

(0.01) was different from that obtained in the first farrowing and third farrowing. The genetic correlations between number of piglets weaned in the first and second farrowing, first and third farrowing and second and third farrowing diverged slightly from each other, and were high, but different from unity (NLD1xNLD2=0.87; NLD1xNLD3=0.88; NLD2xNLD3=0.89). Heritability estimates for number of piglets weaned obtained with the Poisson model were low and did not differ from one another (0.09; 0.09; 0.09), and the genetic correlations between the number of piglets weaned at three orders of farrowing were quite low (NLD1xNLD2=0.17; NLD1xNLD3=0.12; NLD2xNLD3=0.16). The linear model was the best fit the data with a lower degree of complexity for number of piglets weaned, when considering the DIC (deviance information criterion). The observed rank correlation coefficients indicate that the breeding values of the breeders obtained with the two models are significantly correlated, but it was found that some selected individuals would differ according to the model, and to use the model that best fit the data can avoid erroneous selection of animals. We concluded that the traits evaluated in this study have low heritability and should be analyzed using a tri-trait linear mixed model.

**Key words:** Bayesian methodology, genetic evaluation, orders of farrowing, reproductive traits

## INTRODUÇÃO

A prolificidade da matriz suína tem importância primordial entre os fatores determinantes da viabilidade da produção de suínos e deste modo deve-se buscar estratégias para que se obtenha melhoras nesse aspecto. Dentro desse contexto, o tamanho de leitegada, segundo Wolf (2010), é uma característica reprodutiva que está entre os principais objetivos de seleção nas linhas fêmea.

De acordo com Roehe e Kennedy (1995), a avaliação genética do tamanho de leitegada em diferentes ordens de parto como características distintas permite investigar se a expressão da mesma ao longo dos partos é, geneticamente, a mesma característica, e deste modo possibilita definir qual a melhor estratégia analítica. Segundo os mesmos autores, se as variâncias genéticas aditivas e residuais forem homogêneas para uma característica ao longo de diferentes ordens de parto e as correlações genéticas entre as mesmas não diferirem da unidade, essa característica deve ser analisada com a utilização de um modelo de repetibilidade, e em caso contrário, um modelo multicaracterístico seria o mais indicado.

Faz-se importante destacar que o tamanho de leitegada deve ser geneticamente avaliado não apenas ao nascimento dos leitões, mas também no momento da desmama, pois de acordo com revisão feita por Alonso-Spilsbury et al. (2007) a mortalidade nesse período pode comprometer até um quarto da leitegada, e segundo Edwards (2002) existem evidências da influência genética na sobrevivência pré-desmama.

Diversos estudos foram realizados ao longo dos anos para avaliar geneticamente características como o tamanho de leitegada ao nascimento e o tamanho de leitegada a desmama (Roehe e Kennedy, 1995; Kim, 2000; Suarez et al., 2004; Serenius e Stalder, 2004; Torres Filho et al., 2005; Serenius et al., 2008; Barbosa et al., 2008; Barbosa et al., 2010). No entanto, as metodologias empregadas nesses estudos foram baseadas, unicamente, no ajuste de modelos lineares pressupondo distribuição normal dos resíduos.

A hipótese de que o tamanho de leitegada poderia ser avaliado por meio da utilização de um modelo Poisson foi levantada por Foulley et al. (1987) e por Perez-Enciso et al. (1993). Esses autores argumentaram que tal abordagem se justifica no fato dessa característica ser uma contagem. No entanto, estudos realizados por Perez-Enciso et al. (1993) para avaliação genética do tamanho de leitegada em suínos Ibéricos, com a utilização do método de estimação da máxima verossimilhança restrita (REML) sob um modelo Poisson, foram pouco conclusivos e os autores argumentaram que encontraram dificuldades na estimação dos componentes de variância. Além disso, não foram encontradas referências na literatura sobre o ajuste de modelos multicaracterísticos Poisson na avaliação genética entre partos de características de leitegada em suínos.

Uma ferramenta viável para o ajuste de modelos lineares e não-lineares é a metodologia Bayesiana via amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo) que, entre outras vantagens, possibilita uma descrição probabilística de incerteza que considera a perda de informação resultante da estimação dos parâmetros do modelo (Sorensen et al., 2000).

Portanto, objetivou-se no presente estudo analisar os modelos tricaracterísticos linear e Poisson na avaliação genética entre partos das características número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto, em suínos da raça Landrace por meio da metodologia Bayesiana via amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo).

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Dados de leitegada foram obtidos em partos de matrizes suínas da raça Landrace. O período de obtenção dessas informações foi de 2003 a 2006, em uma granja situada no estado de Santa Catarina, Brasil.

Analisou-se o número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), o número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2), o número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3), o número de leitões desmamados no primeiro

parto (NLD1), o número de leitões desmamados no segundo parto (NLD2) e o número de leitões desmamados no terceiro parto (NLD3).

Na tabela 1 encontram-se o número de indivíduos, número de observações, média e coeficiente de variação para as características avaliadas neste estudo.

Foram formados 15 grupos contemporâneos com base no ano e na estação do parto, e os que encerraram menos de cinco observações foram retirados da análise.

Os dados foram divididos em dois grupos, sendo um com as características NLN1, NLN2 e NLN3 (grupo NLN) e outro com as características NLD1, NLD2 e NLD3 (grupo NLD).

**Tabela 1.** Número de indivíduos, número de observações, média e coeficiente de variação (CV) para número de leitões nascidos e desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto.

Característica	Número de partos	Média	CV (%)
Grupo NLN			
NLN1	557	10,59	22,78
NLN2	422	10,68	26,05
NLN3	348	11,22	23,79
Grupo NLD			
NLD1	553	9,66	25,49
NLD2	411	10,01	26,59
NLD3	349	10,52	25,13

NLN1, NLN2, NLN3: número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto, respectivamente; NLD1, NLD2, NLD3: número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto, respectivamente.

### **Modelos estatísticos**

Foram realizadas quatro análises tri-característica, em que cada grupo de dados (NLN ou NLD) foi analisado por meio de dois diferentes modelos estatísticos: modelo tricaracterístico linear misto (MTLM) e modelo tricaracterístico Poisson misto (MTPM). A metodologia Bayesiana via MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo) foi utilizada para estimar herdabilidades e correlações genéticas com os modelos MMLM e MMPM.

### Modelo tricaracterístico linear misto

Sob o enfoque Bayesiano, o modelo tricaracterístico linear misto e as respectivas distribuições para os parâmetros de interesse são apresentados a seguir (Sorensen e Gianola, 2002):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}, \quad (1)$$

em que:

$\mathbf{y}$  é vetor de observações das características, assumindo que a distribuição condicional do mesmo em relação aos parâmetros a serem estimados é Normal multivariada,  $\mathbf{y} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0 \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$  ;

$\mathbf{X}$  e  $\mathbf{Z}$  são, respectivamente, as matrizes de incidência de efeitos fixos e aleatórios genéticos aditivos diretos;

$\boldsymbol{\beta}$  é o vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo, assumindo que a distribuição a priori para o mesmo é dada por uma constante ( $p(\boldsymbol{\beta}) \propto \text{cte}$ ), a qual caracteriza a não-informatividade para o efeito em questão;

$\mathbf{a}$  é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos, cuja distribuição a priori assumida foi  $\mathbf{a} | \mathbf{G}_0, \mathbf{A} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A})$ , sendo  $\mathbf{A}$ , a matriz de relacionamento genético aditivo entre os animais e  $\mathbf{G}_0$  a matriz de co-variância genética aditiva

entre as características,  $\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} & \sigma_{a13} \\ \sigma_{a21} & \sigma_{a22}^2 & \sigma_{a23} \\ \sigma_{a31} & \sigma_{a32} & \sigma_{a33}^2 \end{bmatrix}$ . Por sua vez, admitiu-se que  $\mathbf{G}_0$

apresenta distribuição Wishart invertida dada por WI ( $\nu_a, \mathbf{V}_a$ ), cujos valores para os hiper-parâmetros  $\nu_a$  e  $\mathbf{V}_a$  foram respectivamente, 3 (número de características) e  $\hat{\mathbf{G}}_{0\text{REML}}$ , sendo esta última a notação para a estimativa frequentista (via REML) de  $\mathbf{G}_0$ ;

$\mathbf{e}$  é o vetor de erros aleatórios; cuja distribuição a priori assumida foi  $\mathbf{e} | \mathbf{R}_0 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$ , em que  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade e  $\mathbf{R}_0$  a matriz de co-

variância residual entre as características,  $\mathbf{R}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e11}^2 & \sigma_{e12} & \sigma_{e13} \\ \sigma_{e21} & \sigma_{e22}^2 & \sigma_{e23} \\ \sigma_{e31} & \sigma_{e32} & \sigma_{e33}^2 \end{bmatrix}$ . Da mesma

forma que admitido para  $\mathbf{G}_0$ ,  $\mathbf{R}_0 \sim \text{WI}(v_e, \mathbf{V}_e)$ , sendo os hiperparâmetros especificados analogamente.

Os parâmetros do modelo especificado em (1) foram estimados via inferência bayesiana com a utilização do pacote *MCMCglmm* (Hadfield, 2010) do software R (R Development Core Team, 2011) por meio da especificação *pedigree = c("gaussian", "gaussian", "gaussian")*, a qual indica uma análise tri-característica assumindo distribuição Normal. A partir dos valores gerados ( $k=1,2,\dots,N$  iterações) via amostragem MCMC para os componentes de variância, obtiveram-se as distribuições marginais a posteriori para as herdabilidades e correlações genéticas. Assim, por exemplo, cada valor que constituiu tal distribuição para a herdabilidade da característica 1 foi obtido por

$h_1^{2(k)} = \sigma_{a1}^{2(k)} / (\sigma_{a1}^{2(k)} + \sigma_{e1}^{2(k)})$ . Da mesma forma, cada valor da distribuição a

posteriori para a correlação genética entre as características 1 e 2 foi obtido por

$$r_{a12}^{(k)} = \sigma_{a12}^{(k)} / \sqrt{\sigma_{a1}^{2(k)} \sigma_{a2}^{2(k)}}.$$

Foi gerada, para cada análise tri-característica, 1 cadeia de 2.000.000 de amostras, e descartou-se as 1.000.000 primeiras amostras (burn-in) e nas 1.000.000 restantes, foram retiradas amostras a cada 50 iterações (thin), o que resultou em cadeias MCMC com tamanho efetivo de 20.000 amostras por parâmetro estimado.

O diagnóstico de convergência foi feito baseado no valor p do critério de Geweke (1992) e pela análise dos gráficos das amostras com a utilização do pacote BOA (Smith, 2007) via software R (R Development Core Team, 2011). Valores abaixo do nível de significância estabelecido indicam que a cadeia não convergiu (Geweke, 1992).

### **Modelo tricaracterístico Poisson misto**

Para implementar o modelo tricaracterístico Poisson misto, foi utilizada a abordagem de Tsionas (2001) sob o enfoque de modelos lineares generalizados mistos apresentados por (Hadfield, 2010). Para tanto, considere como exemplo a análise tricaracterística envolvendo as variáveis NLN1, NLN2 e NLN3, número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto, respectivamente.

Adotando  $i=1,2,\dots,n$  como sendo o índice referente a cada animal, e considerando  $\delta_i \sim \text{Poisson} \left( \lambda = \sum_{i=1}^n (\text{NLN1}_i + \text{NLN2}_i + \text{NLN3}_i) / n \right)$ , tem-se a especificação de três novas variáveis  $y_{i1}$ ,  $y_{i2}$  e  $y_{i3}$ , dadas por:  $y_{i1} = \text{NLN1}_i + \delta_i$ ,  $y_{i2} = \text{NLN2}_i + \delta_i$  e  $y_{i3} = \text{NLN3}_i + \delta_i$ . Assim, a distribuição de probabilidade conjunta de  $\mathbf{y}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0$ , sendo  $\mathbf{y}_i' = [y_{i1}, y_{i2}, y_{i3}]$ ,  $\boldsymbol{\beta}' = [\boldsymbol{\beta}'_1, \boldsymbol{\beta}'_2, \boldsymbol{\beta}'_3]$ ,  $\mathbf{a}' = [\mathbf{a}'_1, \mathbf{a}'_2, \mathbf{a}'_3]$ , e  $\mathbf{G}_0$  e  $\mathbf{R}_0$  as matrizes de componentes de variância definidas no tópico anterior, é dada por:

$$P(\mathbf{y}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) = \frac{\exp(\mathbf{x}_{i1}\boldsymbol{\beta}_1 + \mathbf{Z}_{i1}\mathbf{a}_1)^{y_{i1}-\delta_i}}{\exp(\exp(\mathbf{x}_{i1}\boldsymbol{\beta}_1 + \mathbf{Z}_{i1}\mathbf{a}_1))(y_{i1} - \delta_i)!} \frac{\exp(\mathbf{x}_{i2}\boldsymbol{\beta}_2 + \mathbf{Z}_{i2}\mathbf{a}_2)^{y_{i2}-\delta_i}}{\exp(\exp(\mathbf{x}_{i2}\boldsymbol{\beta}_2 + \mathbf{Z}_{i2}\mathbf{a}_2))(y_{i2} - \delta_i)!} \frac{\exp(\mathbf{x}_{i3}\boldsymbol{\beta}_3 + \mathbf{Z}_{i3}\mathbf{a}_3)^{y_{i3}-\delta_i}}{\exp(\exp(\mathbf{x}_{i3}\boldsymbol{\beta}_3 + \mathbf{Z}_{i3}\mathbf{a}_3))(y_{i3} - \delta_i)!}$$

Diante do exposto, tendo em vista a abordagem geral de Hadfield (2010), tem-se que:  $P(\lambda_i | \mathbf{y}_i, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) = P(\mathbf{y}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) P(\mathbf{e}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0)$ , em que  $P(\mathbf{e}_i | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0) = (2\pi)^{-p/2} |\mathbf{R}|^{-1/2} \exp\left[-\frac{1}{2}(\mathbf{e}_i' \mathbf{R}^{-1} \mathbf{e}_i)\right]$ , em que  $p$  é o número de variáveis,  $\mathbf{e}_i = \lambda_i - \mathbf{X}_i\boldsymbol{\beta}_i + \mathbf{Z}_i\mathbf{a}_i$  e  $\mathbf{R} = \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I}$ .

Sob a abordagem utilizada (Hadfield, 2010), é possível utilizar as mesmas distribuições a priori utilizadas ao se considerar o modelo linear (Normal), e, além disso, também é possível estimar as matrizes de covariâncias genéticas aditivas e residuais e calcular herdabilidades e correlações genéticas sob o mesmo enfoque.

Os parâmetros do modelo tricaracterístico Poisson misto foram estimados via inferência bayesiana com a utilização do pacote *MCMCglmm* (Hadfield,

2010) do software R (R Development Core Team, 2011) por meio da especificação *pedigree = c("poisson", "poisson", "poisson")*, a qual indica uma análise tricaracterística assumindo distribuição Poisson.

Foi gerada, para cada análise tri-característica, 1 cadeia de 7.000.000 de amostras, e descartou-se as 3.500.000 primeiras amostras (burn-in) e nas 3.500.000 restantes, foram retiradas amostras a cada 50 iterações (thin), o que resultou em cadeias MCMC com tamanho efetivo de 70.000 amostras por parâmetro estimado.

O diagnóstico de convergência foi realizado com a mesma abordagem do modelo tricaracterístico linear misto.

### **Comparação de modelos**

Os modelos foram comparados com base no Critério de Informação da Deviance (DIC), proposto por Spiegelhalter et al. (2002):

$$DIC = D(\bar{\theta}) + 2p_D$$

em que:

$D(\bar{\theta})$  é o desvio avaliado na média a posteriori e  $p_D$  é o número efetivo de parâmetros do modelo.

Valores menores de DIC indicam modelos com melhor ajuste dos dados e menor grau de complexidade.

Além disso, foram obtidos os coeficientes de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos tricaracterístico linear misto e tricaracterístico Poisson misto, e o percentual de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, com base nos dois modelos utilizados.

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Os valores p do teste de convergência de Geweke obtidos (Tabelas 2 e 3) possibilitaram inferir que as cadeias de todos os parâmetros convergiram ao se considerar um nível de significância igual a 0,05. De acordo com Geweke (1992), valores inferiores ao nível de significância considerado indicam problemas com a convergência da cadeia do parâmetro, o que não foi observado neste estudo.

Foi observado que os valores do erro Monte Carlo foram baixos (Tabelas 2 e 3), o que indica que o tamanho da cadeia foi suficiente para obtenção de estimativas acuradas dos parâmetros. O erro Monte Carlo, de acordo com Blasco (2005), está diretamente relacionado com o número de amostras da cadeia e quanto maior o número de amostras, menor será esse erro amostral, e conforme Blasco et al. (2003) baixos valores desse erro, como os observados no presente estudo, garantem convergência.

As amostras utilizadas para obtenção das cadeias dos parâmetros, que foram retiradas a cada 50 iterações ( $t= 1, 2... n$ ), podem ser consideradas independentes com base nos baixos valores de  $r\text{-Lag}50$ , que é a correlação entre duas amostras  $Y_t$  e  $Y_{t+50}$ , ou a autocorrelação entre as mesmas.

A autocorrelação entre amostras, de acordo Sorensen e Gianola (2002), produz longas sequências nas quais pouca mudança é observada, o que sugere erroneamente a convergência da cadeia. Segundo os mesmos autores, as inferências realizadas a partir de amostras com autocorrelação são menos precisas do que aquelas obtidas a partir do mesmo número de amostras independentes.

A notada diferença entre os valores de média e moda a posteriori dos parâmetros estimados para a característica número de leitões nascidos (Tabela 2), principalmente quando se utilizou o modelo linear, é indício de que as distribuições a posteriori dos mesmos são assimétricas.

Ao observar os gráficos das distribuições marginais a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto (Figura 1), verificou-se que essa assimetria é

consideravelmente acentuada quando se utilizou o modelo linear, e moderada quando se utilizou o modelo Poisson.

**Tabela 2.** Moda, média, desvio padrão, r-Lag50, erro MC e Geweke p-valor da distribuição a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto obtidos com os modelos linear e Poisson, e critério de informação da deviance (DIC).

Parâmetro	Moda	Média	Desvio Padrão	r-Lag50	Erro MC	Geweke p-valor
Modelo linear						
h2NLN1	0,02	0,10	0,12	-0,0126	0,0035	0,2130
h2NLN2	0,02	0,12	0,21	-0,0102	0,0060	0,2461
h2NLN3	0,01	0,12	0,22	0,0114	0,0083	0,3179
rg NLN1 x NLN2	0,89	0,16	0,62	0,0346	0,0234	0,7203
rg NLN1 x NLN3	0,88	0,14	0,62	0,0285	0,0228	0,9169
rg NLN2 x NLN3	0,89	0,22	0,60	0,0038	0,0208	0,4558
Modelo Poisson						
h2NLN1	0,08	0,09	0,02	-0,0029	8,21e-05	0,4786
h2NLN2	0,08	0,10	0,02	-0,0028	0,0001	0,7698
h2NLN3	0,08	0,10	0,03	-0,0022	0,0001	0,8436
rg NLN1 x NLN2	0,15	0,15	0,16	-0,0074	0,0006	0,6196
rg NLN1 x NLN3	0,12	0,11	0,17	0,0112	0,0008	0,2137
rg NLN2 x NLN3	0,18	0,16	0,17	-0,0038	0,0005	0,2552
Critério de informação da deviance (DIC)						
Modelo linear						6211,565
Modelo Poisson						7299,524

h2NLN1, h2NLN2, h2NLN3 : herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto respectivamente; rg NLN1 x NLN2, rg NLN1 x NLN3, rg NLN2 x NLN3: correlações genéticas a posteriori entre número de leitões nascidos no primeiro e segundo parto, primeiro e terceiro parto e segundo e terceiro parto, respectivamente. r-Lag50: correlação entre duas amostras  $Y_t$  e  $Y_{t+50}$ . Erro MC: erro Monte Carlo; Geweke p-valor: valor p do teste de convergência Geweke.

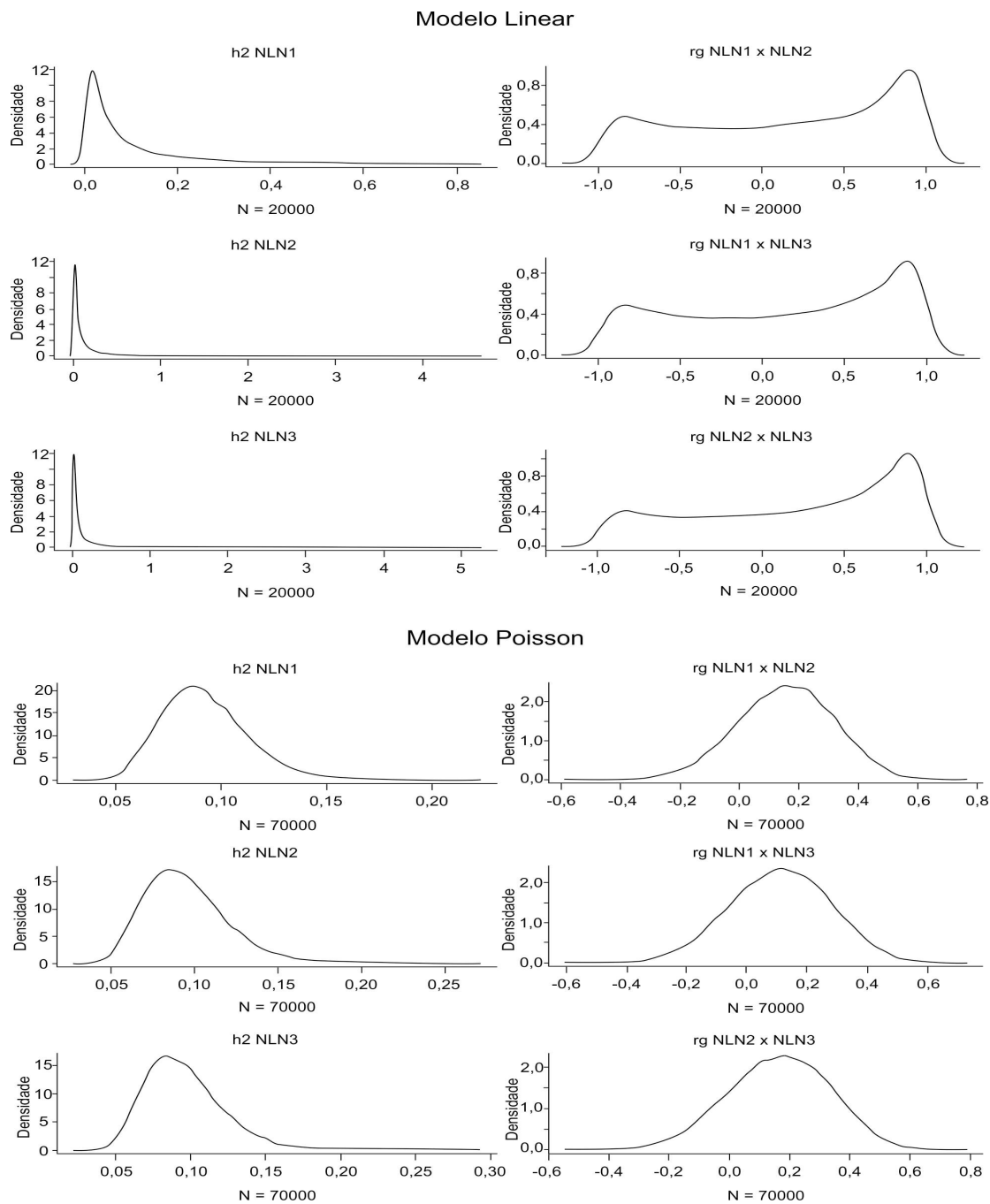
Deste modo, as modas a posteriori são os estimadores bayesianos mais indicados para se inferir a respeito das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos e, por isso, foram os valores utilizados para discussão acerca desses parâmetros.

Foi observado que as estimativas de herdabilidade para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto foram baixas e que a estimativa de herdabilidade para esta característica na terceira ordem de parto diferiu pouco das demais, quando se utilizou o modelo linear (Tabela 2). Além disso, as estimativas de correlação genética entre o número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto foram relativamente altas, embora diferentes da unidade, quando o modelo linear foi utilizado (Tabela 2).

As herdabilidades estimadas com o modelo Poisson para número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto foram baixas e não diferiram entre si, e as correlações genéticas estimadas com esse modelo foram consideravelmente menores ao comparar com as correlações genéticas obtidas com o modelo linear (Tabela 2).

O valor do DIC foi menor quando se utilizou o modelo linear para estimação dos parâmetros relativos a característica número de leitões nascidos (Tabela 2). Esses resultados indicam que, baseado nesse critério informativo, o modelo linear é o mais indicado para se estimar as distribuições a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro, pois segundo Spiegelhalter et al. (2002) valores menores de DIC indicam modelos com melhor ajuste aos dados e menor grau de complexidade.

Perez-Enciso et al. (1993) ao comparar os modelos linear e Poisson mistos com dados de número de leitões nascidos em suínos Ibéricos, não observaram diferença no uso desses modelos.



**Figura 1.** Distribuições marginais a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto obtidos com os modelos linear e Poisson. h2NLN1, h2NLN2, h2NLN3: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto respectivamente; rg NLN1 x NLN2, rg NLN1 x NLN3, rg NLN2 x NLN3: correlações genéticas a posteriori entre número de leitões nascidos no primeiro e segundo parto, primeiro e terceiro parto e segundo e terceiro parto, respectivamente.

No entanto, os autores reportaram que encontraram dificuldades na estimação dos componentes de variâncias com o uso do modelo Poisson misto.

Como o modelo linear foi o que melhor ajustou os dados, conclui-se, com base neste modelo, que as herdabilidades para número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto não são consideravelmente divergentes, e que as correlações genéticas entre as ordens de parto são altas, mas diferem da unidade.

Barbosa et al. (2008) ao trabalharem com fêmeas suínas da raça Large White, observaram diferenças mais acentuadas entre as estimativas de herdabilidades, em quatro partos para o número de leitões nascidos, ao comparar com as verificadas no presente estudo, e correlações genéticas diferentes da unidade para essa característica em diferentes ordens de parto (0,60-0,91), com a utilização do método REML. Também foi observado por Roehe e Kennedy (1995), Suarez et al. (2004) e Arango et al. (2005), heterogeneidade nas herdabilidades ao longo de diferentes ordens de parto para tamanho de leitegada ao nascimento em diferentes ordens de parto, com os parâmetros estimados via máxima verossimilhança restrita (REML).

Autores como Vangen (1986) e Haley et al. (1988) sugeriram que o efeito genético para número de leitões nascidos pode ser diferente em diferentes ordens de parto. Segundo Noguera et al. (2002) o controle genético do tamanho de leitegada pode estar ligado a diferentes grupos de genes ao longo da vida da porca, e assim essa característica não seria geneticamente a mesma ao longo das ordens de parto.

Todavia, Holm et al. (2004) ao estimar as herdabilidades para número de leitões nascidos em diferentes ordens de parto por meio da metodologia Bayesiana, via MCMC, não observaram diferenças entre os valores obtidos, e a correlação genética entre o número de leitões nascidos no primeiro e no segundo parto foi de 0,95, o que supera o valor estimado no presente estudo.

As diferenças pouco consideráveis entre as estimativas de herdabilidade ao longo das ordens de parto e correlações genéticas ligeiramente inferiores a

unidade, obtidas com a metodologia empregada neste estudo, com o uso do modelo linear, não permitem inferir com segurança, para esta população, que o número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto são, geneticamente, características distintas.

**Tabela 3.** Moda, média, desvio padrão, r-Lag50, erro MC e Geweke p-valor da distribuição a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto obtidos com os modelos linear e Poisson, e critério de informação da deviance (DIC).

Parâmetro	Moda	Média	Desvio Padrão	r-Lag50	Erro MC	Geweke p-valor
Modelo linear						
h2NLD1	0,02	0,10	0,12	0,0396	0,0044	0,1110
h2NLD2	0,01	0,13	0,22	-0,0127	0,0061	0,4236
h2NLD3	0,02	0,13	0,23	0,0246	0,0062	0,6421
rg NLD1 x NLD2	0,87	0,15	0,62	0,0415	0,0246	0,6267
rg NLD1 x NLD3	0,88	0,15	0,63	-0,0083	0,0216	0,5892
rg NLD2 x NLD3	0,89	0,24	0,60	0,0248	0,0202	0,8065
Modelo Poisson						
h2NLD1	0,09	0,09	0,0207	0,0003	8,23e-05	0,9542
h2NLD2	0,09	0,09	0,0251	-0,0022	9,76e-05	0,5216
h2NLD3	0,09	0,10	0,0267	0,0020	0,0001	0,6375
rg NLD1 x NLD2	0,17	0,14	0,1661	0,0024	0,0007	0,5791
rg NLD1 x NLD3	0,12	0,11	0,1715	0,0027	0,0006	0,7051
rg NLD2 x NLD3	0,16	0,19	0,1740	0,0006	0,0007	0,3185
Critério de informação da deviance (DIC)						
Modelo linear						6094,263
Modelo Poisson						7077,625

h2NLD1, h2NLD2, h2NLD3 : herdabilidade a posteriori para número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto respectivamente; rg NLD1 x NLD2, rg NLD1 x NLD3, rg NLD2 x NLD3: correlações genéticas a posteriori entre número de leitões desmamados no primeiro e segundo parto, primeiro e terceiro parto e segundo e terceiro parto, respectivamente. r-Lag50: correlação entre duas amostras  $Y_t$  e  $Y_{t+50}$ . Erro MC: erro Monte Carlo; Geweke p-valor: valor p do teste de convergência Geweke.

Por outro lado, de acordo com Roehle e Kennedy (1995), para que uma característica seja considerada, geneticamente, a mesma ao longo de diferentes

ordens de parto, é necessário que as variâncias aditivas, variâncias residuais, e herdabilidade sejam homogêneas nas ordens de parto consideradas, e que as correlações genéticas entre a característica em diferentes ordens de parto sejam iguais a unidade, o que não pôde ser observado neste estudo.

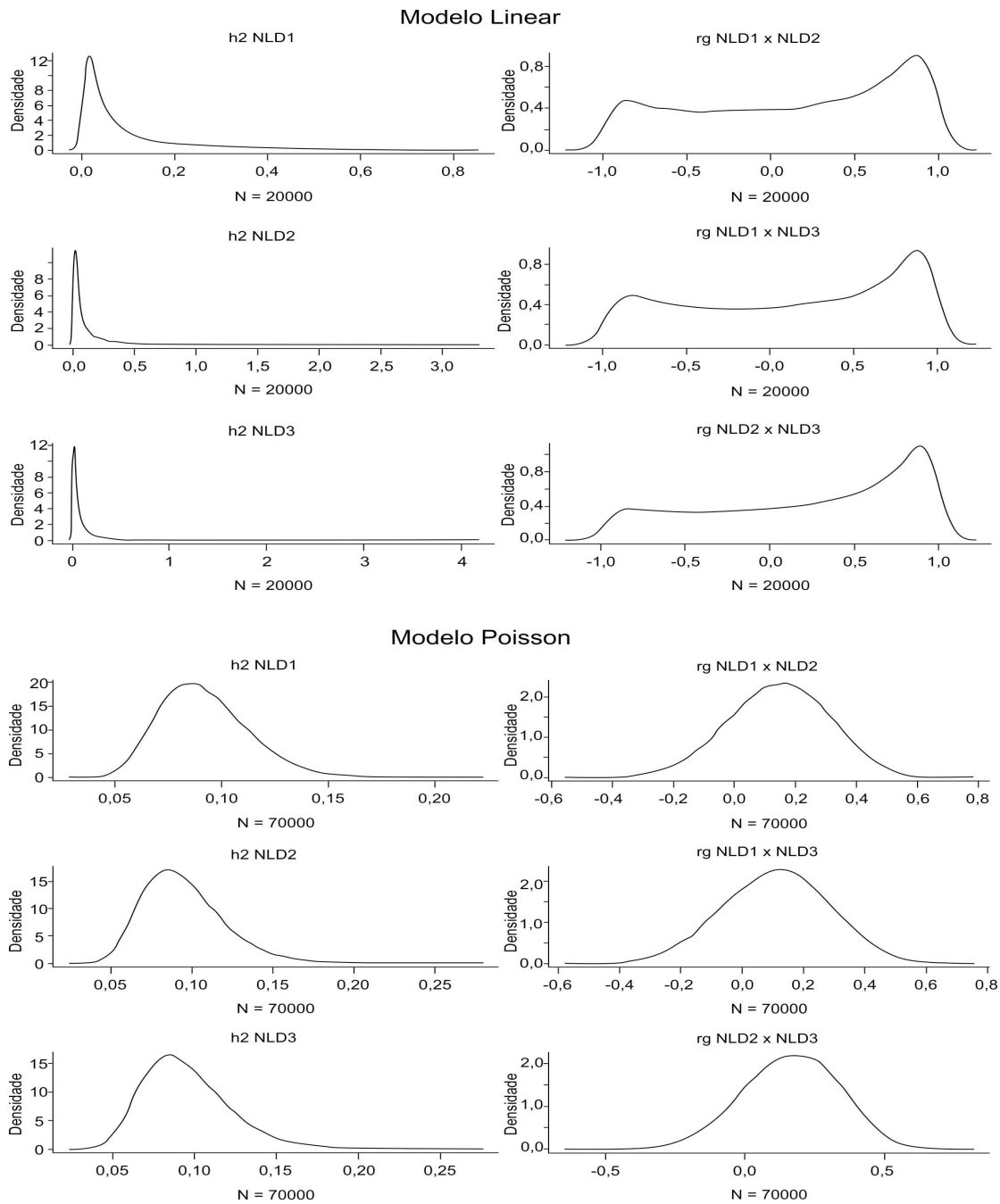
Caso a característica possa ser considerada a mesma ao longo dos partos, um modelo de repetibilidade é o mais indicado, mas em caso contrário, deve-se proceder a análise com a utilização de um modelo multicaracterístico (Roehe e Kennedy, 1995).

De acordo com os argumentos apresentados acima, o modelo tricaracterístico linear misto é o mais adequado para avaliação genética do número de leitões nascidos por não pressupor homogeneidade de variâncias nem correlações genéticas entre as ordens de parto iguais a unidade, e por se ajustar melhor aos dados, como foi discutido anteriormente.

Para a característica número de leitões desmamados, as distribuições a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas também foram assimétricas, mais acentuadamente quando estimadas pelo modelo Linear, com base na diferença entre os valores de moda e média a posteriori (Tabela 3) e nos gráficos das distribuições marginais a posteriori dos parâmetros estimados (Figura 2).

Neste caso, a média a posteriori é um parâmetro pouco representativo das distribuições marginais a posteriori das herdabilidades e das correlações genéticas, e por esse motivo, a moda a posteriori foi escolhida como estimador Bayesiano.

As herdabilidades para número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto, obtidas com o modelo linear foram baixas e a estimativa referente ao segundo parto foi pouco divergente das obtidas no primeiro e no terceiro partos (Tabela 3). Observou-se que correlações genéticas a posteriori entre número de leitões desmamados no primeiro e segundo parto, primeiro e terceiro parto e segundo e terceiro parto pouco diferiram entre si, e foram altas, mas distintas da unidade (Tabela 3).



**Figura 2.** Distribuições marginais a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto obtidos com os modelos linear e Poisson. h2NLD1, h2NLD2, h2NLD3: herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto respectivamente; rg NLD1 x NLD2, rg NLD1 x NLD3, rg NLD2 x NLD3: correlações genéticas a posteriori entre número de leitões nascidos no primeiro e segundo parto, primeiro e terceiro parto e segundo e terceiro parto, respectivamente.

As estimativas de herdabilidade para número de leitões desmamados obtidas com o modelo Poisson foram baixas e não divergentes entre si, e as correlações genéticas entre o número de leitões desmamados nas três ordens de parto foram notadamente baixas (tabela 3).

Faz-se importante destacar que esses valores de correlação genética obtidos com o modelo Poisson estão muito abaixo dos encontrados na literatura (Roehe e Kennedy, 1995; Kim, 2000; Suarez et al., 2004), que situam-se em torno de 0,75.

O modelo linear foi o que melhor se ajustou aos dados, com um menor grau de complexidade, para a característica número de leitões desmamados, ao considerar o critério de informação da deviance (DIC), devido ao menor valor obtido (Tabela 3). De acordo com Spiegelhalter et al. (2002) os modelos com menor valor de DIC são os de melhor ajuste dos dados e os menos complexos.

Deste modo, ao considerar o modelo de melhor ajuste (modelo linear), é possível inferir que, assim como na característica número de leitões nascidos, as herdabilidades para número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro partos não diferem consideravelmente entre si, e que as correlações genéticas entre as ordens de parto são altas, porém menores que a unidade.

A alta correlação genética e a pequena diferença entre as herdabilidades para o número de leitões desmamados ao longo das três primeiras ordens de parto sugere que esta característica poderia ser considerada, geneticamente, a mesma em diferentes partições. Contudo, não foi possível observar o atendimento de todas as condições expostas por Roehe e Kennedy (1995), como homogeneidade de variâncias e herdabilidade e correlações genéticas iguais a unidade, para que se considere a mesma característica nas ordens de parto subsequentes, como foi discutido para o número de leitões nascidos.

Assim, o modelo tricaracterístico linear misto é o melhor para a característica número de leitões desmamados, pois não exige que as variâncias genéticas e residuais sejam as mesmas nas diferentes ordens de parto nem que

a correlação genética seja igual a unidade, além de ajustar melhor os dados ao comparar com o modelo Poisson.

Na tabela 4 estão apresentados os valores de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e Poisson, e o percentual de indivíduos em comum selecionados em níveis crescentes com base nos dois modelos utilizados.

Foi observado que os valores genéticos dos reprodutores obtidos com os dois modelos estão consideravelmente correlacionados, mas verificou-se pelo percentual de indivíduos em comum selecionados, que alguns indivíduos escolhidos para reprodução seriam diferentes de acordo com o modelo utilizado. Esses resultados indicam que as análises genéticas com os modelos linear e Poisson produzem classificações diferentes dos animais, e que a utilização do modelo que melhor ajustou os dados pode evitar a seleção errônea de alguns animais.

**Tabela 4.** Correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e Poisson, e percentual de indivíduos em comum selecionados em níveis crescentes com base nos dois modelos

Característica	r	Percentual de indivíduos em comum selecionados em níveis crescentes		
		10%	20%	50%
NLN1	0,99	85,71	93,75	95,00
NLN2	0,98	87,50	93,75	95,36
NLN3	0,99	83,93	94,64	95,00
NLD1	0,99	94,64	91,96	95,71
NLD2	0,99	89,28	95,53	96,42
NLD3	0,99	92,85	93,75	95,00

NLN1, NLN2, NLN3: número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto, respectivamente; NLD1, NLD2, NLD3: número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto, respectivamente; r: Correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e Poisson.

### CONCLUSÕES

As características número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro partos e número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro

parto são de baixa herdabilidade e devem ser analisadas com a utilização de um modelo tricaracterístico.

O modelo tricaracterístico linear misto foi o melhor na avaliação genética do número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto e do número de leitões desmamados no primeiro, segundo e terceiro parto.

## LITERATURA CITADA

Alonso-Spilsbury, M.; Ramírez-Necoechea, R.; González-Lozano, M.; Mota-Rojas, D.; Trujillo-Ortega, M.E. 2007. Piglet survival in early lactation: a review. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 6: 76-86.

Barbosa, L.; Lopes P.S.; Regazzi, A.J. et al. 2008. Estimación de parâmetros genéticos em tamanho de leitegada de suínos utilizando análises de características múltiplas. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 11:1947-1952.

Barbosa, L.; Lopes P.S.; Regazzi, A.J.; Torres, R.A. et al. 2010. Estimation of variance components: genetic parameters and genetic trends for litter size of swines. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 39(10): 2155-2159.

Blasco, A.; Piles, M.; Varona, L. 2003. A Bayesian analysis of the effect of selection for growth rate on growth curves in rabbits. *Genetic Selection Evolution*. 35:21-41.

Blasco, A. 2005. The use of Bayesian statistics in meat quality analyses: a review. *Meat Science*. 69:115–122.

Edwards, S.A. 2002. Perinatal mortality in the pig: environmental or physiological solutions? *Livestock Production Science* 78: 3-12.

Foulley, J.L.; Gianola, D.; Im, S., 1987. Genetic evaluation of traits distributed as Poisson- binomial with reference to reproductive traits. *Theoretical and Applied Genetics*. 73: 870-877.

Geweke, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: Bernardo, J. M.; Berger, J. O.; Dawid, A. P.; Smith, A.F.M. (Eds.) 1992. *Bayesian statistics 4*. Oxford: Clarendon. p. 625-631.

Hadfield, J. 2010. MCMC Methods for Multi-Response Generalized Linear Mixed Models: The MCMCglmm R Package. *Journal of Statistical Software*. 33:1-22.

Haley, C.S.; Avalos, E.; Smith, C. 1988. Selection for litter size in the pig. *Animal Breeding Abstract*. 56:317-332.

Holm, B.; Bakken, M.; Vangen, O; Rekaya, R. 2005. Genetic analysis of age at first service, return rate, litter size, and waning-to-first service interval of gilts and sows. *Journal of Animal Science* 83: 41-48.

Kim, H. J. 2000. *Genetic Parameters for Productive and Reproductive Traits of Sows in Multiplier Farms*. Ph.D. Thesis, Georg-August-University of Göttingen, Göttingen, Germany.

Noguera, J.L.; Varona, L.; Babot, D. et al. 2002. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. *Journal of Animal Science*. 80: 2540-2547.

Perez-Enciso, M.; Tempelman; R. J.; Gianola, D. 1993. A comparison between linear and Poisson mixed models for litter size in Iberian pigs. *Livestock Production Science* 35:303-316.

Rothschild, M. F. e Bidanel, J. P. 1998. *Biology and genetics of reproduction*. Pages 313–343 in *The Genetics of the Pig*. M. F. Rothschild and A. Ruvinsky, ed. CAB International, University Press, Cambridge, UK.

R Development Core Team R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria (disponível em: <http://www.R-project.org>; último acesso: Janeiro 2012).

Serenius, T. e Stalder, K.J. 2004. Genetics of length of productive life and lifetime prolificacy in the Finnish Landrace and Large White pig populations. *Journal of Animal Science*. 82:3111–3117.

Serenius, T.; Stalder; K.J.; Fernando, R.L. 2008 Genetic associations of sow longevity with age at first farrowing, number of piglets weaned, and wean to insemination interval in the Finnish Landrace swine population. *Journal of Animal Science*. 86: 3324-29.

Sorensen, D.; Vernersen, A.; Andersen, S. 2000. Bayesian analysis of response to selection: A case study using litter size in Danish Yorkshire pigs. *Genetics*. 156: 283- 295.

Sorensen, D. e Gianola, D. 2002. *Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics*. Springer-Verlag.

Suarez, M.; Hermes, S.; Braun, J.; Ulrich Graser, H. 2004. Genetic Parameters of reproductive traits recorded at different parities in Landrace and Large White sows. in: *AGBU Pig Genetics Workshop*.

Spiegelhalter, D. J.; Best, N.G.; Carlin, B.P.; Linde, A. 2002. Bayesian Measures of Model Complexity and Fit. *Journal of the Royal Statistical Society*. 64:1-34.

Torres Filho, R. A.; Torres, R. A.; Lopes, P. S. et al. 2005. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas de suínos. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária. e Zootecnia*. 57: 684-689.

Tsionas, E.G. 2001. Bayesian multivariate Poisson regression. *Communications in Statistics – Theory and Methods* 30(2):243-255.

Vangen, O. 1986. Genetic control of reproduction in pigs: from parturition to puberty. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 3., 1986, Nebraska. Anais...Nebraska. p.168-179.

### CAPÍTULO III

#### Utilização de modelos multicaracterístico e de repetibilidade na avaliação genética de características de leitegada em suínos da raça Landrace

**Resumo:** Dados de animais da raça Landrace foram utilizados para analisar a implementação de modelos multicaracterístico e de repetibilidade na avaliação genética do número de leitões nascidos e do número de leitões desmamados em diferentes ordens de parto. Foram obtidos: Número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2), número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3), número de leitões desmamados no primeiro parto (NLD1), número de leitões desmamados no segundo parto (NLD2) e número de leitões desmamados no terceiro parto (NLD3). Os dados foram divididos em dois grupos, sendo um com NLN1, NLN2 e NLN3 e outro com NLD1, NLD2 e NLD3. Foram realizadas quatro análises, em que cada grupo de dados foi analisado por meio de dois diferentes modelos estatísticos: um multicaracterístico e um de repetibilidade. Foram estimados componentes de variância por meio da metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML) e foram preditos os valores genéticos dos animais com a utilização da metodologia de modelos mistos. Foram obtidos os coeficientes de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com os dois modelos utilizados. Percentuais de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, com base nos valores genéticos preditos obtidos com os modelos multicaracterístico e de repetibilidade foram obtidos. Observou-se uma tendência de aumento da variância genética aditiva e da herdabilidade ao longo das ordens de parto. Verificou-se que a estimativa de variância genética aditiva para número de leitões nascidos e para número de leitões desmamados no primeiro parto foi a mais discrepante em relação aos valores dessas estimativas para as demais ordens de parto, o que indica que, provavelmente, a expressão dessas características no primeiro parto é controlada por genes ou combinações

gênicas diferentes daquelas que regulam a expressão do número de leitões nascidos, e do número de leitões desmamados no segundo e no terceiro parto. As correlações genéticas entre o número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto foram altas, porém esses resultados são insuficientes para que se considere o número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto como sendo, geneticamente, a mesma característica. As correlações genéticas entre o número de leitões desmamados no primeiro parto e o número de leitões desmamados nas demais ordens foram diferentes da unidade. A classificação dos melhores animais não foi rigorosamente a mesma ao se utilizar os modelos multicaracterístico e de repetibilidade. Conclui-se que modelo multicaracterístico é o mais indicado para avaliação genética das características número de leitões nascidos número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto, nesta população.

**Palavras-chave:** avaliação genética, características reprodutivas, máxima verossimilhança restrita

## Use of multi-trait and repeatability models in genetic evaluation of litter traits in Landrace pigs

**Abstract:** Data from Landrace pigs were used to analyze the implementation of tri-trait and repeatability models in the genetic evaluation of number of piglets born and number of piglets weaned at different farrowing orders. Were obtained: Number of piglets born at first farrowing (NLN1), number of piglets born at second farrowing (NLN2), number of piglets born at third farrowing (NLN3), number of piglets weaned at first farrowing (NLD1), number of piglets weaned at second farrowing (NLD2) and number of piglets weaned at third farrowing (NLD3). The data were divided into two groups, one with NLN1, NLN2, NLN3 and another with NLD1, NLD2, NLD3. Four analyses were conducted, and each group was analyzed using two different statistical models: multi-trait and repeatability model. Variance components were estimated by restricted maximum likelihood method (REML) and were predicted breeding values of animals using mixed model methodology (MMM). Were obtained coefficients of Spearman rank correlation between breeding values predicted with the two models used. Percentage of coincident individuals selected at increasing levels based on predicted breeding values obtained with multi-trait and repeatability models were obtained. There was a trend of increased additive genetic variance and heritability along the order of farrowing. It was found that the estimate of additive genetic variance for number of piglets born and number of piglets weaned at first farrowing was the most discrepant from the values of these estimates for all other orders of farrowing, indicating that probably the expression of these traits at first farrowing is controlled by genes or gene combinations other than those that regulate the expression of number of piglets born, and the number of piglets weaned in the second and third farrowing. Genetic correlations between the number of piglets born in the first three orders of farrowing were high, but these results are insufficient for considering the number of piglets born in the first three

orders of farrowing as being genetically the same trait. Genetic correlations between the number of piglets weaned at first farrowing and number of piglets weaned in the other parities were different from unit. The classification of animals was not exactly the same when using the multi-trait and repeatability models. We conclude that multi-trait model is the most suitable for genetic evaluation of number of piglets born and number of piglets weaned in the first, second, and third orders of farrowing in this population.

**Key words:** genetic evaluation, restricted maximum likelihood, reproductive traits

## INTRODUÇÃO

O tamanho da leitegada é a característica responsável por maior parte da variação no desempenho reprodutivo em espécies que produzem várias crias em um único parto (Pérez-Enciso e Bidanel, 1997). De acordo com Holl e Long (2006), o tamanho da leitegada tem sido usado na indústria de genética suína como o maior indicador de eficiência reprodutiva, e deste modo, tem aumentado e continua sendo objetivo principal na maioria dos programas de seleção de linhas maternas.

A seleção para aumento do tamanho de leitegada tem como principal atrativo a possibilidade de se distribuir os custos fixos de produção em um número aumentado de unidades produtivas, e assim aumentar a lucratividade dos sistemas de produção de suínos.

No melhoramento genético das características reprodutivas em suínos, verificar a existência de associação genética entre diferentes ordens de partos, ou entre a mesma característica em partos distintos, é de fundamental importância para se definir os métodos adequados de avaliação e seleção.

Segundo Kim (2000), coeficientes de correlação genética entre ordens de parto, iguais ou próximos a unidade indicam que os ganhos genéticos nos primeiros partos estarão garantidos para os últimos partos, com os benefícios da redução do intervalo de geração e aumento da intensidade de seleção, ou ainda que modelos de repetibilidade podem ser utilizados para avaliar características de leitegada. No entanto, se a correlação genética for baixa entre uma mesma característica em diversas ordens de parto, a avaliação deve ser feita baseando-se em um modelo animal multicaracterístico. Outra condição importante, de acordo com Roehe e Kennedy (1995), para que se possa decidir pela utilização de um modelo de repetibilidade na avaliação genética de características reprodutivas em diferentes ordens de partos é a igualdade das variâncias genéticas aditivas e residuais nos partos considerados, e o não atendimento dessa condição implica que o modelo multicaracterístico é o mais adequado para esse tipo de análise.

Além dos coeficientes de correlação genética e das variâncias genéticas aditivas e residuais entre ordens de parto para determinada característica, é importante que se avalie a influência direta do uso dos modelos estatísticos na classificação dos animais candidatos a pais da próxima geração, pois a mudança nesta ordem pode implicar em perda nos ganhos genéticos anuais ao selecionar erroneamente estes indivíduos. Em diversos estudos foram obtidos coeficientes de correlação de postos entre os valores genéticos preditos com os modelos utilizados e o percentual de indivíduos selecionados em comum para que se avaliasse o efeito do modelo estatístico na ordenação dos animais avaliados (Southwood e Kennedy, 1991; Lutaaya et al., 2002; Torres Filho et al., 2004; Newcom et al., 2005). No entanto, poucos estudos utilizaram esta abordagem para investigar a influência da utilização de modelos tricaracterístico e de repetibilidade na classificação de suínos geneticamente avaliados em relação às características de leitegada em diferentes ordens de parto.

Portanto, o objetivo do presente estudo foi analisar a utilização de modelos multicaracterístico e de repetibilidade na avaliação genética do número de leitões nascidos e do número de leitões desmamados em suínos da raça Landrace em diferentes ordens de parto.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Os dados utilizados no presente estudo são originários de suínos da raça Landrace produzidos no período de 2003 a 2006, por uma granja, localizada no estado de Santa Catarina, Brasil. Foram obtidos: Número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2), número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3), número de leitões desmamados no primeiro parto (NLD1), número de leitões desmamados no segundo parto (NLD2) e número de leitões desmamados no terceiro parto (NLD3).

A estrutura dos dados, média, desvio-padrão e coeficiente de variação para as características avaliadas no presente estudo estão apresentados na tabela 1.

O conjunto inicial dos dados foi editado para descartar registros com erros, informações incompletas e indivíduos com informação inconsistente. Foram formados 15 grupos contemporâneos (GC) com base no ano e na estação do parto, e aqueles com menos de cinco observações foram eliminados do banco de dados.

**Tabela 1.** Estrutura dos dados, média, desvio-padrão e coeficiente de variação para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados em diferentes ordens de parto.

Número de leitões nascidos				
	n	Média	Desvio-padrão	Coeficiente de variação (%)
Animais em A <sup>-1</sup> Observações	678	-	-	-
Total	1252	10,7524	2,6327	24,48
1º parto	527	10,5560	2,4542	23,24
2º parto	398	10,6206	2,8221	26,57
3º parto	327	11,2294	2,6212	23,34
Grupos contemporâneos	15	-	-	-
Número de leitões desmamados				
	n	Média	Desvio-padrão	Coeficiente de variação (%)
Animais em A <sup>-1</sup> Observações	676	-	-	-
Total	1230	9,9626	2,6147	26,24
1º parto	523	9,6233	2,5024	26,00
2º parto	388	9,9588	2,6895	27,00
3º parto	319	10,5235	2,6144	24,84
Grupos contemporâneos	15	-	-	-

Os dados foram divididos em dois grupos, sendo um com NLN1, NLN2 e NLN3 e outro com NLD1, NLD2 e NLD3. Foram realizadas quatro análises, em que cada grupo de dados foi analisado por meio de dois diferentes modelos estatísticos. O primeiro modelo (1) foi um multicaracterístico, em que se considerou cada observação das características nas três ordens de parto distintas como sendo uma característica diferente, e o segundo modelo (2) foi

um de repetibilidade, em que se considerou cada observação das características em ordens de parto distintas como sendo medidas repetidas, ao longo do tempo, de uma mesma característica.

Os modelos foram:

Modelo multicaracterístico:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}, \quad (1)$$

Modelo de repetibilidade:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{p} + \mathbf{e}, \quad (2)$$

em que:

$\mathbf{y}$  é o vetor de observação das características;

$\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}_1$  e  $\mathbf{Z}_2$  são matrizes de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo, de efeito genético aditivo e de efeitos ambientais permanentes aleatórios, respectivamente;

$\boldsymbol{\beta}$ ,  $\mathbf{a}$  e  $\mathbf{p}$  são os vetores de efeitos fixos de grupo contemporâneo, de efeito genético aditivo e de efeitos ambientais permanentes aleatórios, respectivamente;

$\mathbf{e}$  é o vetor de erros aleatórios.

Foi assumido para os efeitos aleatórios no modelo multicaracterístico (1):

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} : \text{NMV} \left\{ \begin{bmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \boldsymbol{\phi} \\ \boldsymbol{\phi} & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

$\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0$ , sendo  $\mathbf{A}$  uma matriz de relacionamento genético aditivo entre os animais e  $\mathbf{G}_0$  uma matriz aditiva entre as características;

$\mathbf{R} = \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0$ , sendo  $\mathbf{I}$  uma matriz identidade e  $\mathbf{R}_0$  uma matriz de covariâncias residuais entre as características;

$\boldsymbol{\phi}$  é uma matriz de zeros; e  $\otimes$  é o operador produto direto (Searle, 1971).

Foi assumido para os efeitos aleatórios no modelo de repetibilidade (2):

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} : \text{NMV} \left\{ \begin{bmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \phi & \phi \\ \phi & \mathbf{P} & \phi \\ \phi & \phi & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

$\mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_a^2$ , sendo  $\mathbf{A}$  uma matriz de relacionamento genético aditivo entre os animais e  $\sigma_a^2$  a variância genética aditiva;

$\mathbf{P} = \mathbf{I}\sigma_p^2$ , sendo  $\mathbf{I}$  uma matriz identidade e  $\sigma_p^2$  a variância de efeitos ambientais permanentes;

$\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$ , sendo  $\mathbf{I}$  uma matriz identidade e  $\sigma_e^2$  a variância residual;

$\phi$  é uma matriz de zeros (Searle, 1971).

Foram obtidos os componentes de (co) variância estimados com a utilização da metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML) desenvolvida por Patterson e Thompson (1971), e os valores genéticos preditos dos animais, para todas as características avaliadas, por meio da metodologia de modelos mistos (Henderson, 1949). Utilizou-se para tais estimativas e predições o programa computacional Wombat, desenvolvido por Meyer (2006).

Coefficientes de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos dos animais obtidos com o modelo multicaracterístico (1) e pelo modelo de repetibilidade (2) foram obtidos com a utilização do programa computacional SAS para Windows (SAS® Institute, 2002–2003). Foi criado um índice com peso igual para todas as características do modelo multicaracterístico para possibilitar a obtenção dos coeficientes de correlação entre os valores genéticos preditos com os dois modelos. Foram obtidos os percentuais de indivíduos em comum selecionados, em níveis crescentes, com base nos valores genéticos preditos obtidos com os modelos (1) e (2).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e as estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados estão apresentadas nas tabelas 2 e 3, respectivamente.

Para a característica número de leitões nascidos (Tabela 2), verificou-se um aumento da variância genética aditiva e da herdabilidade, obtidas com o modelo multicaracterístico, ao longo das ordens de parto. Resultados semelhantes foram observados por Suarez et al. (2004) e por Roehe e Kennedy (1995), que também observaram maior herdabilidade para essa característica na terceira ordem ao comparar com a primeira ordem de parto.

A estimativa de variância genética aditiva para número de leitões nascidos no primeiro parto, obtida com o modelo multicaracterístico, foi a mais discrepante, com menor valor, em relação aos valores de variância aditiva observados nas demais ordens de parto. Barbosa et al. (2008), observaram resultados concordantes em fêmeas suínas da raça Large White, em que a variância aditiva para número de leitões nascidos no primeiro parto foi menor e mais discrepante em relação as variâncias genéticas aditivas obtidas nas demais ordens de parto. Essa diferença nas variâncias genéticas aditivas sugere, segundo Arango et al. (2005), uma tendência sistemática para expressão dos efeitos genéticos aditivos desta característica com o progresso da vida reprodutiva da porca. Os mesmos autores reportaram, baseando-se em extensa revisão da literatura, que a herdabilidade para número de leitões nascidos tende a aumentar da primeira ordem de parto para as partições subsequentes.

Deste modo, existem evidências de que o número de leitões nascidos no primeiro parto seja controlado por combinações de genes distintas daquelas que são responsáveis pela expressão do número de leitões nascidos no segundo e no terceiro parto.

**Tabela 2.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para número de leitões nascidos.

Modelo multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	0,3650	-	-
2º Parto	0,4441	0,5575	-
3º Parto	0,4629	0,5620	0,6022
(Co) variâncias residuais			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	5,5744	-	-
2º Parto	0,9218	7,2069	-
3º Parto	0,5309	0,9423	6,3315
(Co) variâncias fenotípicas			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	5,9394	-	-
2º Parto	0,9845	7,7644	-
3º Parto	0,9939	1,5044	6,9337
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	0,0615	-	-
2º Parto	0,9845	0,0718	-
3º Parto	0,9875	0,9700	0,0869
Modelo de repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma^2_a$	0,4884		
$\sigma^2_e$	5,6675		
$\sigma^2_c$	0,7644		
$\sigma^2_p$	6,9204		
$h^2$	0,0706		
$c^2$	0,1105		

$\sigma^2_a$ : variância genética aditiva;  $\sigma^2_e$ : variância residual;  $\sigma^2_c$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c^2$  razão entre variância de efeito ambiental permanente e variância fenotípica.

De acordo com Noguera et al. (2002), o desenvolvimento fisiológico das matrizes suínas poderia estar relacionado com o envolvimento de diferentes grupos ou combinações gênicas na expressão do tamanho de leitegada em

diferentes ordens de parto, o que explicaria os resultados observados no presente estudo.

As correlações genéticas entre o número de leitões nascidos em diferentes ordens de parto foram altas, mas diferentes da unidade (Tabela 2). Resultados obtidos por Kim (2000), em fêmeas da raça Landrace, e por Barbosa et al.(2008), em fêmeas da raça Large White, divergem dos obtidos neste estudo, pois os autores verificaram correlações genéticas inferiores entre as três primeiras ordens de parto para esta característica.

Resultados mais próximos aos observados neste estudo foram obtidos por Irgang et al. (1994), que observaram correlação genética próxima a unidade entre a primeira e a terceira ordem de parto, e por Suarez et al. (2004), que observaram correlação genética entre a primeira e a segunda ordem de parto igual a 0,94, ao trabalharem com animais da raça Landrace.

Faz-se importante considerar que apesar dos altos valores das estimativas de correlação genética entre a característica número de leitões nascidos em diferentes ordens de parto, a variância aditiva para essa característica na primeira ordem de parto foi inferior às demais, o que seria indício de que a expressão do número de leitões nascidos no primeiro parto poderia ser controlada por combinações genicas distintas daquelas responsáveis pela expressão do número de leitões nascidos no segundo e no terceiro parto, como foi discutido anteriormente.

Além das variâncias genéticas aditivas, as variâncias residuais e fenotípicas não foram iguais, principalmente entre as obtidas na primeira ordem e as obtidas nas demais ordens de parto. Segundo Roehe e Kennedy (1995), a não igualdade das variâncias genéticas aditivas, residuais e fenotípicas ao longo das ordens de parto para o tamanho de leitegada indica que essa característica não deve ser geneticamente analisada com utilização de um modelo de repetibilidade. Deste modo, analisar o número de leitões nascidos nas diferentes ordens de parto com o uso de um modelo multicaracterístico é a abordagem mais indicada, nesta população.

**Tabela 3.** Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades e correlações genéticas obtidas com o modelo multicaracterístico e estimativas dos componentes de variância e razões de variância obtidas com o modelo de repetibilidade para número de leitões desmamados.

Modelo multicaracterístico			
(Co) variâncias genéticas aditivas			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	0,1712	-	-
2º Parto	0,2305	0,4997	-
3º Parto	0,2174	0,5003	0,5468
(Co) variâncias residuais			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	6,0096	-	-
2º Parto	0,7125	6,5943	-
3º Parto	0,6413	1,0839	6,3925
(Co) variâncias fenotípicas			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	6,1809	-	-
2º Parto	0,9430	7,0940	-
3º Parto	0,8587	1,5842	6,9393
Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal)			
	1º Parto	2º Parto	3º Parto
1º Parto	0,0277	-	-
2º Parto	0,7878	0,0704	-
3º Parto	0,7104	0,9571	0,0788
Modelo de repetibilidade			
Parâmetro	Valor		
$\sigma_a^2$	0,3497		
$\sigma_e^2$	5,7500		
$\sigma_c^2$	0,7443		
$\sigma_p^2$	6,8441		
$h^2$	0,0511		
$c^2$	0,1088		

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_c^2$ : variância de efeito ambiental permanente;  $h^2$ : herdabilidade;  $c^2$  razão entre variância de efeito ambiental permanente e variância fenotípica.

O aumento da variância aditiva e da herdabilidade ao longo das três ordens de parto para a característica número de leitões nascidos também foi observado para característica número de leitões desmamados (Tabela 3). Esses resultados são discordantes dos obtidos por Roehe e Kennedy (1995) e por Suarez et al.

(2004), que observaram aumento na herdabilidade do primeiro para o segundo parto e decréscimo deste valor do segundo para o terceiro parto ao avaliar suínos da raça Landrace com base na característica número de leitões desmamados. Todavia, Kim (2000) observou que na terceira ordem de parto a herdabilidade foi maior do que na primeira para esta característica, o que corrobora com os resultados obtidos neste estudo.

Além disso, observou-se que os valores estimados de variância genética aditiva e de herdabilidade para número de leitões desmamados no primeiro parto foram inferiores e divergentes das estimativas desses parâmetros obtidos para essa característica nas demais ordens de parto, e que essas estimativas foram pouco divergentes entre a segunda e a terceira ordem de parto. Com base nestes resultados é possível inferir que o controle da expressão da característica número de leitões desmamados, bem como se observou para característica número de leitões nascidos avaliada neste estudo, pode ser realizado por combinações de genes no primeiro parto diferentes daquelas envolvidas no controle desta característica na segunda e terceira ordem de parto. A relação entre o desenvolvimento fisiológico da porca e diferentes combinações de genes nas diferentes ordens de parto, como sugeriram Noguera et al. (2002) para a característica número de leitões nascidos, poderia ser uma explicação plausível para as diferenças observadas entre as herdabilidades e variâncias genéticas aditivas estimadas na primeira ordem de parto ao comparar com os valores obtidos para a segunda e terceira ordens de parto para a característica número de leitões desmamados, uma vez que a mesma deriva diretamente do número de leitões nascidos.

As correlações genéticas entre as ordens de parto para a característica número de leitões desmamados foram menores que a unidade entre a primeira e a segunda e entre a primeira e a terceira ordem de parto, e mais alta entre a segunda e a terceira ordem de parto (Tabela 3). Esses resultados somados ao fato de que as variâncias genéticas aditivas e herdabilidades estimadas para a primeira ordem de parto foram diferentes em relação às obtidas nas demais

ordens de parto sugerem que, nesta população, o número de leitões desmamados na primeira ordem de parto pode ser considerado característica geneticamente distinta do número de leitões nascidos na segunda e na terceira ordem de parto, e que a utilização do modelo multicausal é a mais indicada para que se realize uma avaliação mais acurada.

Resultados concordantes foram obtidos por Kim (2000) e Roehe e Kennedy (1995), que observaram em suínos da raça Landrace correlação genética divergente da unidade entre a primeira e a segunda e entre a primeira e a terceira ordem de parto para número de leitões desmamados, e indicaram a utilização de um modelo multicausal para avaliação do número de leitões desmamados em diferentes ordens de parto por concluir que essa característica não pode ser considerada geneticamente a mesma ao longo das ordens de parto de uma fêmea suína.

As estimativas de variância genética aditiva, variância residual e variância fenotípica obtidas com o modelo de repetibilidade para as características número de leitões nascidos (Tabela 2) e número de leitões desmamados (Tabela 3) foram próximas das médias das estimativas de variâncias genética aditiva, residual e fenotípica obtidas com o modelo multicausal nas três primeiras ordens de parto para essas características. Todavia, as médias das estimativas dos componentes de variância obtidos com o modelo multicausal não representam, de forma considerável, os valores observados em cada ordem de parto. Deste modo, a utilização do modelo de repetibilidade poderia resultar em sub ou superestimação das variâncias ao longo das ordens de parto para as características avaliadas neste estudo.

Os coeficientes de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com modelo multicausal ou com modelo de repetibilidade para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados e percentual de indivíduos coincidentes selecionados em níveis crescentes avaliados com base nos dois modelos estão apresentados na tabela 4.

**Tabela 4.** Coeficientes de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com modelo multicaracterístico ou com modelo de repetibilidade para número de leitões nascidos e número de leitões desmamados e percentual de indivíduos coincidentes selecionados em níveis crescentes avaliados com base nos dois modelos.

	r	Percentual de indivíduos em comum selecionados em níveis crescentes		
		10%	20%	50%
NLN	0,9940	97,05%	93,38%	96,46%
NLD	0,9591	88,23%	86,76%	90,82%

NLN: número de leitões nascidos; NLD: número de leitões desmamados. r: correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos preditos com modelo tricaracterístico ou com modelo de repetibilidade.

Para a característica número de leitões nascidos a magnitude do coeficiente de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos obtidos com os modelos tricaracterístico e de repetibilidade indica que, de uma forma geral, a ordenação dos indivíduos não seria muito alterada pela escolha do modelo. Contudo, observou-se que a classificação dos melhores animais não foi rigorosamente a mesma, pois o percentual de indivíduos em comum selecionados divergiu ao se utilizar os modelos tricaracterístico e de repetibilidade (Tabela 4). Deste modo, a utilização do modelo de repetibilidade para avaliação genética dos animais desta população com relação ao número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto em substituição ao modelo multicaracterístico, que é o mais indicado, poderia implicar em comprometimento, mesmo que em pequena magnitude, dos ganhos genéticos para essas características.

O coeficiente de correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos obtidos com os modelos multicaracterístico e de repetibilidade para a característica número de leitões desmamados foi próximo da unidade. Todavia, ao observar o percentual de indivíduos em comum selecionados em diferentes níveis, verifica-se que uma fração considerável deixaria de ser selecionada com base na escolha do modelo estatístico (Tabela 4). Deste modo, para esta característica, nesta população, o modelo multicaracterístico deve ser utilizado

para avaliação genética dos animais, pois a não utilização do mesmo poderia resultar em comprometimento no ganho genético para esta característica.

### **CONCLUSÕES**

O modelo multicaracterístico é o mais indicado para avaliação genética do número de leitões nascidos e do número de leitões desmamados, pois as observações dessas características no primeiro, segundo e terceiro partos devem ser analisadas como características diferentes.

## LITERATURA CITADA

Arango, J.; Misztal, I.; Tsuruta, S.; Culbertson, M.; Herring, W. 2005. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. *Journal of Animal Science*. 83: 499–506.

Barbosa, L.; Lopes P.S.; Regazzi A. J. et al. 2008 Estimação de parâmetros genéticos em tamanho de leitegada de suínos utilizando análises de características múltiplas. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 11:1947-1952.

Henderson, C.R. 1949 Estimates of changes in herd environment. *J. Dairy Sci.* Champaign, (Abstr.)32:706.

Holl, J. e Long, T. Improving weaned pig quality in today's large litters. 2006. *In: NSFI conferences*. Smithfield Premium Genetics Group, Rose Hill, NC.

Irgang, R.; Favero, J.A.; Kennedy, B.W. Genetic parameters for litter size of different parities in Duroc, Landrace, and Large White sows. 1994. *Journal of Animal Science* 72: 2237-2246.

Kim, H. J. 2000. *Genetic Parameters for Productive and Reproductive Traits of Sows in Multiplier Farms*. Ph.D. Thesis, Georg-August-University of Göttingen, Göttingen, Germany.

Lutaaya, E.; Misztal, I; Mabry, J.W.; Short, T.; Timm, H.H.; Holzbauer, R. 2002. Joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine. *Journal of Animal Science*. 80:2263-2266.

Meyer, K. 2006 WOMBAT – “Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood” *In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION*, 8, Belo Horizonte. Proceedings. I CD-ROM.

Newcom, D.W.; Baas, T.J.; Stalder, K.J.; Schwab, C.R. 2005. Comparison of three models to estimate breeding values for percentage of loin intramuscular fat in Duroc swine. *Journal of Animal Science*. 83: 750-756.

Noguera, J.L.; Varona, L.; Babot, D. et al. 2002. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. *Journal of Animal Science*. 80: 2540-2547.

Patterson, H.D. e Thompson, R. 1971. Recovery of inter- block information when block sizes are unequal. *Biometrika*. 58(3):545-54.

Perez-Enciso, M. e Bidanel, J.P. 1997. Selection for litter size components: A critical review. *Genetic Selection Evolution*. 29: 483-496.

Roehe, R. e Kennedy, B.W. 1995. 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*.73:2959-2970.

SAS for Windows release 9.1. SAS Institute. Cary, North Caroline, EUA, 2002-2003.

Searle, S.R. *Linear Models*. New York: John Wiley & Sons. Inc., 1971. 532p.

Southwood, O.I. e Kennedy, B.W. 1991. Genetic and environ-mental trends for litter size in swine. *Journal of Animal Science*. 69: 3177-3182.

Suarez, M.; Hermes, S.; Braun, J.; Ulrich Graser, H. 2004. Genetic Parameters of reproductive traits recorded at different parities in Landrace and Large White sows. *in: AGBU Pig Genetics Workshop*.

Torres Filho, R.A.; Torres, R.A.; Lopes, P.S. et al. 2004 Avaliação de modelos para estimação de componentes de (co)variância em características de desempenho e reprodutivas em suínos. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 33: 350-357.

### **3.CONCLUSÕES GERAIS**

O tamanho de leitegada ao nascimento e o tamanho de leitegada a desmama são características de baixa herdabilidade e estão geneticamente associadas, de forma positiva, o que significa que a seleção em uma delas resultará em resposta na outra.

As observações das características número de leitões nascidos e número de leitões desmamados nas três primeiras ordens de parto devem ser analisadas com a utilização de um modelo multicaracterístico.

O modelo linear misto ajustou melhor os dados utilizados nesse estudo, em todas as análises, ao comparar com o modelo Poisson misto.