

RODOLPHO DE ALMEIDA TORRES FILHO

**ESTUDO GENÉTICO DE LINHAS PURAS E CRUZADAS DE
SUÍNOS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Doctor Scientiae”

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2005

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

T

T693e
2005

Torres Filho, Rodolpho de Almeida, 1976-
Estudo genético de linhas puras e cruzadas de suínos
/ Rodolpho de Almeida Torres Filho. – Viçosa : UFV,
2005.
xi, 63f. : il. ; 29cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de
Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Suíno - Melhoramento genético. 2. Suíno - Genética.
3. Suíno - Registros de desempenho. 4. Suíno - Repro-
dução. 5. Análise multivariada. I. Universidade Federal de
Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 636.4082

RODOLPHO DE ALMEIDA TORRES FILHO

ESTUDO GENÉTICO DE LINHAS PURAS E CRUZADAS DE SUÍNOS

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Doctor Scientiae”.

APROVADA: 12 de dezembro de 2005.

Prof. Martinho de Almeida e Silva

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Conselheiro)

Prof. Aldrin Vieira Pires

Prof. José Ivo Ribeiro Júnior

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

A minha esposa Carla, por caminhar comigo
A meus pais Rodolpho e Cidinha, por tudo que sou
A minhas irmãs Juliana e Letícia, por serem o que são
A minha sobrinha Luísa, por alegrar a nossa família.
Aos meus avós Quiquinha e Aparecida, e Torres e Nilce
Às pessoas que amo.

AGRADECIMENTO

A Deus, por tudo, pois sem Ele nada é possível.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

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

À empresa SADIA S.A., pela disponibilidade e pela concessão dos dados, em especial, aos pesquisadores José Antonino Zanuzzo e Rodrigo José de Almeida Torres, por toda ajuda e por mostrarem-me novos horizontes no Melhoramento Animal.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pela orientação.

Aos professores Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides, pela amizade, pelo aconselhamento, pelo incentivo e pelas críticas e sugestões.

À professora Carmen Pereira Silva, pela amizade, pela atenção, pelas sugestões e pelo exemplo de profissionalismo e dedicação ao Melhoramento Genético Animal.

Ao professor Aldrin Vieira Pires, pela amizade, pelas sugestões e pela participação no exame de defesa de tese.

Aos professores Martinho de Almeida e Silva e José Ivo Ribeiro Júnior pelas sugestões e pela participação no exame de defesa de tesa.

Ao Pesquisador Roberto Teodoro pela amizade e participação no exame de qualificação.

À empresa GLOBOAVES, em especial aos diretores Roberto Kaefer e Vitor Hugo Brandalize, e ao gerente Neri Zanolla, pelo companheirismo, incentivo, e compreensão na fase final da realização deste trabalho.

À empresa Vera Cruz Agropecuária, em especial aos diretores Ricardo e Isaac, pelo convívio e amizade ao longo da realização deste curso.

Aos meus pais e minhas irmãs, pois sem eles, eu não chegaria até aqui.

À Carla, pelo carinho, pelo companheirismo, por ter acompanhado e apoiado todas etapas da realização deste curso.

Ao amigo Fábio Toral, pela amizade, e principalmente pela ajuda e incentivo que foram fundamentais na fase final deste trabalho.

Aos amigos da pós-graduação, Acyr, Alex, Claudinho, Fernanda, Fê, Filipão, Fred, Giselda, Gustavo, Joãozinho, Kercya, Leandrinho, Lindenberg, Luciara, Marcus, Marcelinho, Maguida, Rachel, Ricardinho e Urbano, pela amizade e pelo constante incentivo.

Ao estudante de Zootecnia Gilberto pela grande ajuda prestada ao longo da realização deste trabalho.

Às minhas tias Cecília, Mirinha e Rosaura, por terem me ajudado, cada uma, em uma fase desta caminhada.

Aos demais professores, funcionários e alunos do Departamento de Zootecnia, pelo companheirismo e pela amizade.

Ao povo brasileiro que, suando no verão e sentindo frio no inverno, pagou os impostos, contribuindo, assim, para a minha formação, meu muito obrigado.

BIOGRAFIA

Rodolpho de Almeida Torres Filho, filho de Rodolpho de Almeida Torres e Maria Aparecida Barbosa Torres, natural de Belo Horizonte, Estado de Minas Gerais, nasceu em 25 de fevereiro de 1976.

Em março de 1994, iniciou o curso de Engenharia Agrônômica, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica, por alguns anos, no Departamento de Zootecnia, orientado pelo Prof. Martinho de Almeida e Silva.

Em março de 1999, graduou-se em Engenharia Agrônômica na Universidade Federal de Viçosa.

Em abril de 1999, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa.

Em 09 de março de 2001, submeteu-se ao exame final de defesa de tese de tese para obtenção do título de Magister Scientae em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa.

Em abril de 2001, iniciou o Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa.

Em 01 de novembro de 2004 foi contratado pela empresa GLOBOAVES para coordenar o programa de genética e melhoramento de aves desta empresa.

Em 12 de dezembro de 2005, submeteu-se ao exame final de defesa de tese.

ÍNDICE

RESUMO	viii
ABSTRACT	X
INTRODUÇÃO	1
OBJETIVOS GERAIS	3

CAPÍTULO 1

Estudo da divergência genética entre linhas de suínos utilizando técnicas de análise multivariada	4
Resumo	4
Abstract	5
Introdução	6
Material e Métodos	8
Resultados e Discussão	10
Conclusões	14
Referências Bibliográficas	14

CAPÍTULO 2

Avaliação de heterose em diferentes gerações de cruzamento entre duas linhas de suínos da raça Large White	16
Resumo	16
Abstract	17
Introdução	18
Material e Métodos	19
Resultados e Discussão	22
Conclusões	24
Referências Bibliográficas	25

CAPÍTULO 3

Estudo da divergência genética entre diferentes grupos genéticos de suínos.....	26
. Resumo	26
Abstract	27
Introdução	28
Material e Métodos	30
Resultados e Discussão	35
Conclusões	39
Referências Bibliográficas	40

CAPÍTULO 4

Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos de uma linha em formação de suínos da raça Large White.....	42
Resumo	42
Abstract	43
Introdução	44
Material e Métodos	45
Resultados e Discussão	49
Conclusões	55
Referências Bibliográficas	55

CONCLUSÕES GERAIS	58
-------------------	----

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	59
----------------------------	----

RESUMO

TORRES FILHO, Rodolpho de Almeida, D.S., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2005. **Estudo genético de linhas puras e cruzadas de suínos.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Conselheiros: Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides.

Registros de características de desempenho e reprodutivas de duas linhas puras de suínos da raça Large (L1 e L2) e uma linha (L3) formada pelo cruzamento entre linhas L1 e L2 foram utilizados para avaliar a divergência genética entre as duas linhas, estimar a heterose direta e seu comportamento ao longo das gerações, estudar a divergência genética entre grupos genéticos constituintes da linha L3, testar diferentes modelos na avaliação genética da linha L3 e avaliar a ocorrência de heterogeneidade de variâncias entre grupos genéticos e seu efeito na classificação dos animais pelo valor genético. A divergência genética foi avaliada utilizando-se técnicas de análise multivariada, as estimativas de heterose foram obtidas por meio de contrastes entre médias dos grupos genéticos e a significância estatística dos contrastes entre médias foi verificada computando-se a estatística t. As estimativas dos componentes de variâncias foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). O teste de razão de verossimilhança foi aplicado para identificar qual o modelo mais adequado à avaliação genética animal, com a ressalva de que no modelo unicaracterística se assumiram variâncias homogêneas entre os grupos genéticos, e no modelo tricaracterística foi considerada a expressão da característica em cada grupo genético como uma característica diferente. A partir do arquivo com os valores genéticos estimados dos animais com os dois diferentes modelos, obteve-se a correlação de ordem entre as classificações dos animais. As duas linhas puras avaliadas (L1 e L2) apresentaram divergência genética tanto para características de desempenho quanto para reprodutivas. A

estimativa de heterose direta na geração F1 foi de 8,74% para número de leitões nascidos total (NLN), 8,50% para número de leitões nascidos vivos (NLNV), 2,41% para ganho de peso diário (GPD) e ausente para peso da leitegada ao nascimento (PLN). Os efeitos de heterose nas gerações F2 e F3 ocorreram apenas para GPD, observando redução do efeito de heterose ao longo das gerações para NLN e NLNV. Os grupos genéticos que constituem a linha L3 (F1, F2 F1xF2 e F3) apresentaram divergência genética, ressaltando-se que a análise de agrupamento indicou que eles poderiam ser agrupados em dois grupos: I constituído por F2, F1xF2 e F3, e II que engloba apenas o grupo genético F1. Nas três características (NLNV, PLN e GPD) em que se avaliou o modelo mais adequado, o tricaracterística foi o mais indicado, evidenciando-se a existência de heterogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos avaliados. Nas três características, as maiores estimativas de herdabilidades foram obtidas no grupo genético F3 e as menores, no grupo genético F1. As correlações de ordem obtidas indicam que a heterogeneidade de variância exerce mais efeito na classificação dos animais na característica ganho de peso diário do que no número de leitões nascidos vivos e peso da leitegada ao nascimento.

ABSTRACT

TORRES FILHO, Rodolpho de Almeida, D.S., Universidade Federal de Viçosa, December 2005. **Genetic study of swine purebred and crossbred lines.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Committee Members: Paulo Sávio Lopes and Ricardo Frederico Euclides.

Data on reproductive and performance traits of two purebred Large White lines (L1 and L2) and a crossbred line L3 (L1 X L2) were used to evaluate the genetic divergence between the two lines; estimate the direct heterosis and its effects over generations; study the genetic divergence between the genetic groups forming line L3; test different models for the genetic evaluation of line L3; and evaluate the occurrence of variance heterogeneity between genetic groups and its effect on swine classification via genetic value. The genetic divergence was evaluated using multivariate analysis; heterosis estimates were obtained by contrasts between the genetic group means; and the significance of contrasts between means was tested by *t*-statistics. Variance component estimates were obtained by restricted maximum likelihood (REML). REML was used to identify the most suitable model for swine genetic evaluation, with the restriction that in the one-trait model it was assumed homogeneous variances between the genetic groups, and in the three-trait model the expression of the trait in each genetic group was considered as a different trait. The order correlation between animal classification was obtained from the estimated genetic values in the two different models. The two evaluated purebred lines (L1 and L2) showed genetic divergence for both performance and reproductive traits. The estimates of direct heterosis for F1 generation was 8.74% for total born pigs (NLN), 8.50% for live born pigs (NLNV), 2.41% for daily weight gain (GPD) and absent for litter birth weight (PLN). The effect of heterosis on F2 and F3 generations only occurred for GPD, with reduction of the heterosis effect over the generations for NLN and

NLNV. The genetic groups forming L3 line (F1, F2 F1xF2 and F3) showed genetic divergence, and the grouping analysis indicated that they could be grouped in two clusters: Group I comprising F2, F1xF2 and F3, and Group II comprising only the F1 group. The three evaluated traits (NLNV, PLN and GPD) indicated the three-trait model as being the most suitable, proving the existence of variance heterogeneity between the studied genetic groups. The highest heritability estimates were obtained in the F3 group, and the lowest estimates in the F1 group, for the three traits. The order correlations indicate that the variance heterogeneity has more effect on animal classification for daily weight gain than for live born pigs and litter birth weight.

INTRODUÇÃO

A formação de nova linha a partir do cruzamento entre linhas puras de origens distintas pode ser uma alternativa para ampliar a base genética da população, minimizando os efeitos deletérios advindos do acréscimo do coeficiente de endogamia das linhas formadoras, assim como produzir animais com atributos das linhas formadoras.

O primeiro passo no delineamento dos cruzamentos que serão realizados na formação da nova linha é o conhecimento dos genótipos que serão acasalados e a avaliação da diferença entre eles, a qual pode ser feita através do estudo de divergência genética entre os progenitores. As técnicas de análise multivariada são recomendadas para este estudo, uma vez que as características de importância econômica são correlacionadas e as análises univariadas não apresentam a versatilidade de aproveitar as correlações existentes.

Determinada a divergência genética entre os possíveis progenitores, a preocupação seguinte no delineamento de cruzamentos é buscar a otimização dos recursos genéticos que, segundo Cassady et al. (2002a), é determinada pela diferença dos efeitos de raça relativos à magnitude dos efeitos de heterose e recombinação, posto que poucos trabalhos têm sido delineados para estimar simultaneamente esses efeitos genéticos e, em particular, estimativas de recombinação são ainda mais escassas. Uma questão que fica em aberto na formação de novas populações a partir de cruzamentos é quanto de heterose é perdida ao longo das gerações.

No decorrer do processo de formação de uma linha são gerados vários grupos genéticos, e graças às diferenças entre eles deve existir heterogeneidade de

variância entre os diferentes grupos. Ignorar essa potencial heterogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos envolvidos no processo de seleção pode, segundo Van Vleck (1994), reduzir a acurácia dos valores genéticos preditos dos reprodutores. O efeito da heterogeneidade de variâncias entre grupos genéticos na avaliação genética de bovinos de corte foi confirmado para peso em diferentes idades (OLIVEIRA et al., 2001; RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995) e para distintas características de carcaça (CREWS; FRANKE, 1998). See (1998) concluiu que efeito de heterogeneidade de variâncias devido a diferentes rebanhos deve ser incluído nos procedimentos de avaliação genética de suínos.

OBJETIVOS GERAIS

- Avaliar a divergência genética entre duas linhas de suínos da raça Large White quanto a características de desempenho e reprodutivas, utilizando-se técnicas de análise multivariada.
- Estimar a heterose direta e seu comportamento ao longo das gerações de cruzamento de suínos da raça Large White.
- Avaliar a divergência genética entre diferentes grupos genéticos formados através do cruzamento de duas linhas puras de suínos da raça Large White.
- Testar diferentes modelos na avaliação genética e avaliar a ocorrência da heterogeneidade de variância entre os grupos genéticos formadores de uma linha de suínos da raça Large White e seu efeito na classificação dos animais segundo as estimativas dos valores genéticos.

CAPÍTULO 1

ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAS DE SUÍNOS UTILIZANDO TÉCNICAS DE ANÁLISE MULTIVARIADA¹

RESUMO

A divergência genética entre duas linhas de suínos da raça Large White foi avaliada utilizando-se técnicas de análise multivariada. Incluíram-se no estudo três características de desempenho – conversão alimentar, espessura de toucinho corrigida para 100 kg e ganho de peso médio diário para machos – e cinco reprodutivas. Idade da porca ao primeiro parto, número de leitões nascidos vivos, número de leitões aos 21 dias, peso da leitegada ao nascimento e peso da leitegada aos 21 dias. Os dados foram agrupados em três arquivos. O primeiro constituiu-se de informações das características de desempenho avaliadas nos machos; o segundo continha informações reprodutivas, considerando-se parições até a quarta ordem; e o último foi formado por informações de desempenho e reprodutivas das matrizes referentes ao primeiro parto. A análise de variância indicou a existência de divergência genética entre as duas linhas. Os resultados dos testes de união–interseção de Roy evidenciaram superioridade das linhas quanto às características distintas, indicando a possibilidade de explorar a complementaridade em cruzamentos envolvendo as duas linhas. Foi encontrada diferença significativa pelo teste F nos escores obtidos pela aplicação da função discriminante linear de Fisher obtida na análise de cada arquivo que aponta, também, a existência da divergência genética entre as linhas de suínos.

Palavras-chave: Suíno, características reprodutivas, desempenho, função discriminante de Fisher e teste Roy.

¹*Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, n.3, p.390-395, 2005

GENETIC DIVERGENCE STUDY OF SWINE LINES BY MULTIVARIATE ANALYSIS TECHNIQUES

ABSTRACT

The genetic divergence between two Large White swine lines was evaluated by multivariate analysis techniques. Three performance traits (feed conversion, back fat thickness adjusted for 100kg and average daily weight gain for males) and five reproductive traits (age at first farrowing, total number of piglets born alive, total number of piglets at 21 days, litter birth weight and at 21 days) were evaluated in this study. Data were grouped in three files. The first file consisted of male performance traits, the second of reproductive traits and the last of female performance and reproductive traits concerning the first farrowing. Multivariate analysis results showed a significant genetic divergence between lines. The Roy union-intersection test showed superiority of lines for different traits, suggesting that complementarity could be explored in crosses of the lines. Significant difference for the scores of Fisher linear discriminate function, in the analysis of each file also showed genetic divergence between the swine lines.

Keywords: Swine, reproductive traits, performance traits, Fisher discriminant function, Roy Test.

INTRODUÇÃO

O estudo da divergência genética entre progenitores tem se constituído em ferramenta valiosa nos programas de melhoramento genético, pois, a partir dela, são identificadas as combinações híbridas de maior efeito heterótico, de tal forma que, nas gerações segregantes, há maior possibilidade de recuperação dos genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI, 1997). Os objetivos dos estudos de divergência genética foram citados por Piassi (1994).

Considerando que as características de importância econômica são correlacionadas, com magnitudes e sentido variáveis, a utilização de técnicas de análise multivariada é a mais recomendada no estudo da divergência genética, pois, quando existe interdependência entre elas, as análises individuais não apresentam a versatilidade de aproveitar as correlações existentes.

As análises univariadas referem-se ao comportamento dos grupos genéticos diante de cada uma das variáveis isoladas e não levam em consideração o conjunto de significâncias (JAMES; McCLOCH, 1990, citados por FREITAS, 1996).

Técnicas de análise multivariada foram empregadas no estudo da divergência genética na área animal e em diferentes espécies (SAKAGUTI, 1994; PIASSI et al., 1995; VIANA et al., 2000; CARNEIRO, 2002; FONSECA et al., 2002; PIRES et al., 2002b). Em ampla revisão sobre análise de cruzamentos em suínos, Sancevero (1988) não fez referência à utilização de análise multivariada nos estudos de divergência genética. Freitas (1996) também não encontrou referências com a utilização de técnicas de análise multivariada em suínos.

Freitas et al. (1998) pesquisaram o emprego de técnicas de análise multivariada no estudo de divergência genética em suínos. Os cruzamentos foram realizados em duas fases distintas, e as técnicas avaliadas constituíram de análise de variáveis canônicas, análise de agrupamento adotando a distância generalizada de Mahalanobis e o método de otimização de Tocher.

As técnicas de análise de variância multivariada, função discriminante linear de Fisher e análise de variáveis canônicas foram utilizadas para avaliar a divergência genética entre as raças de suínos Duroc, Landrace e Large White, quanto às características reprodutivas (FONSECA et al., 2000) e quanto às características de desempenho (PIRES et al., 2002a).

Cruz e Regazzi (1997) destacaram que, embora vários métodos multivariados pudessem ser aplicados na predição da divergência genética, a escolha do método mais adequado deve ser determinada pelo pesquisador, em razão facilidade da análise e da forma de obtenção dos dados.

A análise de variância multivariada (MANOVA) fornece resultados embasados na análise conjunta de todas as variáveis utilizadas. Rao (1952), citado por Demétrio (1985), afirmou que a análise de variância multivariada consiste em analisar as variâncias e as co-variâncias de variáveis correlacionadas por meio da comparação de matrizes de estimativas de variâncias e co-variâncias. Posteriormente, podem-se aplicar testes de comparações múltiplas, como o da união–interseção de Roy, para avaliar o desempenho dentro de cada variável considerada. Segundo Morrison (1967), o princípio da união–interseção de Roy deve ser utilizado como método de comparações múltiplas, por ser a continuação lógica do teste do maior autovalor. Regazzi (2002) ressaltou a importância da função discriminante linear de Fisher (FDF), também conhecida como primeira variável canônica que fornece o maior valor possível para o teste F, entre todas as combinações lineares das variáveis envolvidas (HARRIS, 1975, citado por REGAZZI, 2002).

Este trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre duas linhas de suínos da raça Large White, quanto às características de desempenho e reprodutivas, utilizando-se técnicas de análise multivariada.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados são provenientes de duas linhas de suínos da raça Large White (LA e LB) em desenvolvimento, mantidas pelo Programa de Melhoramento Genético da Empresa Sadia SA, em duas granjas núcleos localizadas no Estado de Santa Catarina, relativos ao período de 1991 a 1996.

As características de desempenho foram conversão alimentar (CA), espessura de toucinho corrigida para 100 kg em mm (ETC) e ganho de peso médio diário em gramas (GPD). As características reprodutivas foram idade da porca ao primeiro parto (IPP), número de leitões nascidos vivos (NLN) e aos 21 dias (NL21), peso da leitegada ao nascimento (PLN) e peso da leitegada aos 21 dias (PL21).

Como o manejo e controle de informações foram diferenciados em cada sexo e houve interesse em avaliar a divergência genética quanto às características de desempenho e reprodutivas separada e simultaneamente, os dados foram agrupados em três arquivos. O arquivo 1, contendo 3.635 registros, constituiu-se de informações das características de desempenho avaliadas nos machos; o arquivo 2, contendo 1.702 registros, com informações reprodutivas, considerou partições até a quarta ordem; e o arquivo 3, contendo 409 registros, com informações de desempenho das matrizes e reprodutivas, considerou somente o primeiro parto.

As análises estatísticas foram feitas utilizando-se o pacote estatístico *Statiscal Analisis System* (USERS, 1990). Como efeitos fixos, foram empregados os grupos contemporâneos, formados pela combinação da semana do ano (1-48^a a 8^a semana; 2-9^a a 21^a semana; 3-22^a a 34^a semana; 4-35^a a 47^a semana) com o ano de nascimento do animal. Nos arquivos 1 e 3, as análises foram realizadas segundo o modelo:

$$y_{itlr} = \mathbf{m}_t + L_{it} + G_1 + e_{itlr}$$

em que y_{itlr} = valor observado da característica t, na repetição r, da linha i, no grupo contemporâneo l; \mathbf{m}_t = média da característica t; L_{it} = efeito da linha i na

característica t; G_1 = efeito do grupo contemporâneo l; e e_{tilr} efeito do erro aleatório associado à observação y_{tilr} .

No arquivo 2, as análises foram realizadas segundo o modelo:

$$y_{tilkr} = \mathbf{m}_l + L_{it} + G_1 + O_k + e_{tilkr}$$

em que y_{tilkr} = valor observado da característica t, na repetição r, da linha i, no grupo contemporâneo l, na ordem de parto k; \mathbf{m}_l , L_{it} , G_1 = como descritos para o modelo anterior; O_k = efeito da ordem de parto k; e e_{tilkr} = efeito do erro aleatório associado à observação y_{tilkr} .

Admitiu-se, nas análises, que os erros $e'_{\sim ir} = [e_{\sim il}, \dots, e_{\sim ir}]$ têm distribuição multinormal com vetor de médias nulo e matriz de variâncias e co-variâncias Σ comum a todas as combinações i e r. Os $e_{\sim ir}$ correspondentes a diferentes unidades experimentais são independentemente distribuídos.

Diferente da análise univariada, na multivariada (MANOVA) obtêm-se matrizes de somas de quadrados e produtos de dimensões $K \times K$, em que K é o número de características avaliadas por análise (no arquivo 1, tem-se 3×3 , no arquivo 2 4×4 e no arquivo 3 7×7), sendo **A**, **H** e **R** as matrizes de somas de quadrados e produto totais, tratamentos (linhas) e residuais, respectivamente. A hipótese testada pela MANOVA é a de igualdade dos vetores de média, ou seja, $H_0 : L_{\sim 1} = L_{\sim 2}$. Para testar essa hipótese foi utilizado o teste do maior autovalor de Roy.

Em seguida, realizou-se o teste de comparações de contrastes entre médias, pelo teste da união-interseção de Roy, com a finalidade de identificar as fontes de variação que causaram a diferença apontada pela MANOVA. Contrastos entre os grupos genéticos foram construídos para cada característica. Assim, considerando a variável k, para testar um contraste entre as médias ($Y = c_1m_{11} + c_2m_{21}$, com $\sum_{i=1}^2 c_i = 0$), calculou-se

a seguinte diferença mínima significativa:

$$DMS = \sqrt{\frac{\theta_\alpha}{1 - \theta_\alpha} \cdot \frac{SQR_r}{\bar{r}} \cdot \sum_{i=1}^2 c_i^2}$$

em que θ_α = valor crítico de Roy, no nível α de probabilidade com parâmetros s , m' e n' ; SQR_r = soma de quadrados do resíduo para a variável k ; e \bar{r} = aproximação do número de repetições, utilizando-se a média harmônica.

A função discriminante linear de Fisher, aplicada aos dados de observações, reduz o espaço p dimensional a um espaço unidimensional, conservando-se a informação de variabilidade contida nos dados. A partir desse ponto, realizou-se uma ANOVA para o teste de hipótese de igualdade das linhas (tratamentos): $H_0: L_1 = L_2$ (igualdade dos efeitos de tratamento).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias e as diferenças mínimas significativas (DMS) por arquivo para o teste de união–interseção de Roy, a 5% de probabilidade, encontram-se nas Tabelas 1, 2 e 3.

Nas informações de desempenho dos machos (arquivo 1), observou-se diferença ($P < 0,01$) entre os vetores de médias (linhas) pelo teste do maior autovalor de Roy. Pelo teste de união–interseção de Roy, foram verificadas diferenças ($P < 0,01$) entre as duas linhas, tendo a LA apresentado maiores valores em todas as características. Alguns dos interesses dos programas de melhoramento são voltados para maior ganho de peso e menor taxa de conversão alimentar. Assim, os resultados indicam a possibilidade de exploração da complementariedade entre as duas linhas com relação às características de desempenho.

Pires et al. (2002a), avaliando as diferenças de desempenho entre suínos das raças Duroc, Landrace e Large White, encontraram diferenças entre as características espessura de toucinho e ganho de peso médio diário, contudo a conversão alimentar não foi avaliada. Os referidos autores destacaram que a divergência genética entre as raças indica que bons resultados de heterose e complementariedade podem ser obtidos com a produção de progênes oriundas de esquema de acasalamento “tricross”.

A função discriminante linear de Fisher (FDF) obtida foi: $FDF = 0,2914 \times ETC + 0,8620 \times CA + 0,0890 \times GPDM$. Houve diferença ($P < 0,05$) entre as médias dos escores de LA e LB, que foram de 104,66 e 93,85, respectivamente, constituindo, assim, mais uma evidência da divergência genética entre as duas linhas, quanto às características avaliadas. Pires et al. (2002a), considerando informações das raças Duroc, Landrace e Large White, referentes aos pesos dos leitões ao nascimento, aos 21 dias de idade e aos 70 dias de idade, ganho de peso médio diário, idade para atingir 100 kg e espessura de toucinho, encontraram diferenças significativas pelo teste F aplicado à FDF obtida. A raça Large White apresentou a maior média e a Duroc, a menor.

Tabela 1 – Média e diferença mínima significativa (DMS) de características de desempenho de machos de acordo com a linha da raça Large-White (LA e LB)

Linha	ETC ¹	CA	GPDM
LA	14,53 ^a	2,52 ^a	675,56 ^a
LB	11,27 ^b	2,09 ^b	664,83 ^b
Diferença	3,25	0,43	10,73
DMS	1,96	0,02	5,48

¹ETC = espessura de toucinho (mm) corrigida para 100 kg; CA = conversão alimentar; GPDM = ganho de peso (g) médio diário para machos. Médias seguidas por letras distintas na coluna diferem entre si, pelo teste de Roy ($P < 0,05$).

Tabela 2 – Média e diferença mínima significativa (DMS) de características reprodutivas de acordo com a linha da raça Large-White (LA e LB)

Linha	NLN ¹	NL21	PLN	PL21
LA	9,67 ^a	9,02 ^a	13,98 ^a	56,06 ^a
LB	11,03 ^b	9,96 ^b	14,77 ^b	54,79 ^a
Diferença	1,36	0,94	0,79	1,27
DMS	0,42	0,40	0,55	2,41

¹NLN = número de leitões nascidos vivos; NL21 = número de leitões aos 21 dias (desmame); PLN = peso (kg) da leitegada ao nascimento; e PL21 = peso (kg) da leitegada aos 21 dias. Médias seguidas por letras distintas na coluna diferem entre si, pelo teste de Roy ($P < 0,05$).

Tabela 3 – Média e diferença mínima significativa de características de desempenho e reprodutivas de acordo com a linha da raça Large-White (LA e LB)

	ETC ¹	GPDF	IPP	NLN	NL21	PLN	PL21D
LA	15,43	582,82	312,26 ^a	9,29 ^a	8,79 ^a	13,42	54,48 ^a
LB	11,24	588,17	328,57 ^b	10,69 ^b	9,41 ^b	13,09	48,51 ^b
Diferença	4,19	5,35	16,31	1,40	0,62	0,33	5,97
DMS	4,38	7,53	4,84	0,69	0,61	0,85	3,83

¹ETC = espessura de toucinho (mm) corrigida para 100 kg (mm); GPDF = ganho de peso (g) médio diário para fêmeas; IPP = idade da porca (dias) ao primeiro parto; NLN = número de leitões nascidos vivos; NL21 = número de leitões aos 21 dias (desmame); PLN = peso da leitegada (kg) ao nascimento; PL21 = peso da leitegada (kg) aos 21 dias (kg). Médias seguidas por letras distintas na coluna diferem entre si, pelo teste de Roy (P<0,05).

Considerando-se parições de até quarta ordem (arquivo 2), foram observadas diferenças (P<0,01) entre os vetores de médias (linhas) das características pelo teste do maior autovalor de Roy. Com relação às características número de leitões nascidos vivos e aos 21 dias de idade e peso da leitegada ao nascimento, houve diferença entre as linhas, com médias mais elevadas na LB (Tabela 2). Com relação ao peso da leitegada aos 21 dias, as duas linhas apresentaram comportamento semelhante. Fonseca et al. (2000) não encontraram diferenças em tamanho de leitegada ao nascimento, entretanto, com relação a peso da leitegada ao nascimento, a raça Landrace apresentou maior média que a Large White. A raça Duroc comportou-se de maneira intermediária. Quanto às características tamanho da leitegada ao desmame e peso da leitegada aos 21 dias de idade, as raças Landrace e Large White não diferiram entre si e apresentaram médias maiores que as da raça Duroc.

A FDF obtida foi: $FDF = -0,4616 \times NLNV - 1,4933 \times NL21 - 0,2883 \times PLN - 1,9995 \times PL21$.

A média dos escores para LA foi de 90,13 e para LB, de 85,32 (P<0,05). Fonseca et al. (2000) também encontraram diferenças nos escores obtidos pela aplicação da FDF. As raças Landrace e Large White apresentaram as maiores médias e não diferiram entre si, sendo a raça Duroc a de menor média.

Os resultados obtidos pela MANOVA com as informações de desempenho e reprodutivas referentes ao primeiro parto das matrizes (arquivo 3) indicaram diferença ($P < 0,05$) entre os vetores de médias das linhas. Semelhantemente às análises dos arquivos 1 e 2, observou-se divergência genética entre as duas linhas tanto com relação às características de desempenho quanto reprodutivas. Os resultados apontaram a possibilidade da exploração da heterose em cruzamentos do material genético avaliado, à semelhança do que encontraram Fonseca et al. (2000) e Pires et al. (2002a).

Com relação às características espessura de toucinho, ganho de peso médio diário e peso da leitegada ao nascimento, não houve diferenças entre linhas (Tabela 3). Quanto à idade da porca ao primeiro parto e peso da leitegada aos 21 dias, existiram diferenças entre linhas, sendo obtidos melhores valores na LA. Quanto a número de leitões nascidos vivos e aos 21 dias, a LB apresentou-se superior à LA. A superioridade de uma linha em algumas características e da outra linha em outras características indica a possibilidade da exploração da complementariedade entre as duas linhas.

A diferença dos resultados de ganho de peso médio diário nas duas análises pode ser atribuída ao fato de que, no arquivo 1, as informações são referentes a todos os machos nascidos no período e, no arquivo 3. As informações referem-se apenas às fêmeas selecionadas para reprodução, constituindo-se em um volume de dados menor e pré-selecionado. As diferenças dos resultados de peso da leitegada ao nascimento e aos 21 dias podem ser atribuídas ao fato de que, no arquivo 2, as informações se referiam a partos até de quarta ordem e, no arquivo 3, apenas ao primeiro parto.

A FDF obtida foi: $FDF = 0,8707 \times ETC - 0,3487 \times GPDF - 0,3514 \times IPP - 0,3681 \times NLN - 0,5167 \times NL21 + 0,2735 \times PESNAS + 0,7008 \times PES21D$.

A média dos escores para LA foi de -144,73 e para LB, de -193,90 ($P < 0,05$). Os resultados foram semelhantes aos obtidos nas análises dos arquivos 1 e 2, evidenciando-se novamente a divergência genética entre as linhas quanto às características de desempenho e reprodutivas.

CONCLUSÕES

As duas linhas da raça Large White avaliadas apresentaram divergência genética tanto em características de desempenho quanto reprodutivas, indicando que bons resultados de heterose e de complementariedade podem ser obtidos na exploração de matrizes F1 obtidas do cruzamento entre elas. A divergência genética encontrada poderia indicar o estudo da viabilidade da formação de uma nova linha a partir do cruzamento entre as duas linhas, com o intuito de obter alta produtividade e variabilidade genética, que poderiam ser exploradas pela seleção nas gerações futuras.

REFERÊNCIAS

- CARNEIRO, P.L.S. et al. Estudo da divergência genética entre linhagens de matrizes de frangos de corte por meio de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 75-83, 2002.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 1997. 390 p.
- DEMÉTIO, G.C.B. *Análise multidimensional para dados de cana-de-açúcar*. Piracicaba, SP: ESALQ/USP, 1985. 144 f. Tese (Doutorado em Estatística) – Escola Superior de Agricultura “Luís de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.
- FONSECA, R. et al. Estudo da divergência genética entre raças suínas utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 52, p. 403-09, 2000.
- FONSECA, R. et al. Avaliação de frangos de corte utilizando técnicas de análise multivariada: I Características de carcaça. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 525-529, 2002.
- FREITAS, R.T.F. *Estudo da divergência genética de suínos em cruzamentos, utilizando técnicas de análise multivariada*. Viçosa, MG: UFV, 1996. 152 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa
- FREITAS, R.T.F. et al. Análise dialéctica de características de leitegada de suínos usando-se variáveis canônicas. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 27, p. 700-7006, 1998.
- LOPES, P.S.; FREITAS, R.T.F.; FERREIRA, A.S. *Melhoramento de suínos*.

Viçosa, MG: Editora UFV, 39 p. (Caderno Didático, 37).

MORRISON, D.F. *Multivariate statistical methods*. New York: McGraw-Hill, 1967. 388 p.

NASCIMENTO, J.D. Programa genético AGROCERES PIC. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. *Anais...* Belo Horizonte: UFMG, 2000. p. 121-123.

PIASSI, M. *Avaliação de do desempenho de linhagens de postura mantidas na Universidade Federal de Viçosa, em competição com marcas comerciais*. Viçosa, MG: UFV, 1994. 86 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PIASSI, M. et al. Estudo da divergência genética entre oito grupos genéticos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 24, p. 715-727, 1995.

PIRES, A.V. et al. Estudo da divergência genética entre seis linhas de aves Legorne utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 314-319, 2002b.

PIRES, A.V. et al. Estudo da divergência genética entre as raças suínas Duroc, Landrace e Large White, utilizando técnicas de análise multivariada. *Arch. Lat. Prod. Anim.*, v. 10, p. 81-85, 2002a.

RAO, C.R. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390 p.

REGAZZI, A.J. *Análise multivariada*. Viçosa, MG: DPI/UFV, Departamento de Informática, 2002. (Notas de aula).

SAKAGUTI, E.S. *Utilização de técnicas de análise multivariada na avaliação de cruzamentos dialélicos em coelhos*. Viçosa, MG: UFV, 1994. 170 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SANCEVERO, A.B. *Aspectos genéticos do desempenho produtivo e reprodutivo do suíno em cruzamentos dialélicos*. Viçosa, MG: UFV, 1988. 152 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

USER'S guide. *Statistics*. Version 6. 4. ed. Cary: SAS Institute, 1990. 1686 p.

VIANA, C.F.A. et al. Estudo da divergência genética entre quatro linhagens de matrizes de frango de corte utilizando técnicas de análise multivariada. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 29, p. 1074-1081, 2000.

CAPÍTULO 2

AVALIAÇÃO DE HETEROSE EM DIFERENTES GERAÇÕES DE CRUZAMENTO ENTRE DUAS LINHAS DE SUÍNOS DA RAÇA LARGE WHITE

RESUMO

Cinco grupos genéticos foram utilizados para estimar a heterose direta e a sua redução ao longo das gerações de cruzamento entre duas linhas puras de suínos da raça Large White. Os dados foram avaliados em indivíduos das duas linhas puras (L1 e L2) e das gerações F1, F2 e F3. As estimativas de heterose exibida em cada geração foram calculadas por meio de contrastes entre as médias dos grupos genéticos pertinentes em cada situação, sendo a significância estatística dos contrastes entre médias verificada pelo teste da hipótese nula. A estimativa de heterose direta observada na geração F1 foi significativa em todas características, exceto em peso da leitegada ao nascimento. As estimativas de heterose com relação a número de leitões nascidos total e vivos foram de 8,74 e 8,50%, respectivamente, porém os efeitos de heterose nas gerações F2 e F3 foram não-significativos, indicando decréscimo nessas características ao longo das gerações, apesar de os contrastes F2-F1 e F3-F2 terem sido não-significativos. Quanto ao contraste entre as médias dos grupos genéticos para ganho de peso diário, observou-se efeito significativo de heterose nas gerações F1, F2 e F3, não se verificando, assim, redução de heterose ao longo das gerações quanto a essa característica; a estimativa de heterose direta em relação às gerações F1, F2 e F3 foi de 2,41; 2,71; e 4,51%, respectivamente. Assim, constatou-se efeito significativo de heterose na maioria das características avaliadas. Com relação às características reprodutivas observou-se redução do efeito de heterose ao longo das gerações de cruzamento. Já quanto a ganho de peso diário não se verificou essa redução ao longo das gerações.

Palavras-chave: Ganho de peso diário, número de leitões nascidos e redução de heterose.

EVALUATION OF HETEROSIS IN DIFFERENT CROSSING GENERATIONS BETWEEN TWO LINES OF LARGE WHITE PIGS

ABSTRACT

Five genetic groups were used to estimate direct heterosis and its reduction over the crossing generations between two purebred lines of Large White swine. Data were evaluated in individuals of the two purebred lines (L1 and L2) and generations F1, F2 and F3. The heterosis estimates of each generation were calculated through contrasts between the genetic group means for each situation, and the significance of the contrasts between means tested by the null hypothesis. The direct heterosis estimate in the F1 generation was significant for all traits, except for litter birth weight. Heterosis estimates for total born pigs and live born pigs were 8.74 and 8.50%, respectively. However, the heterosis effect on generations F2 and F3 was non-significant, indicating decrease in these traits over the generations, although the contrasts F2-F1 and F3-F2 were non-significant. In relation to the contrast between the genetic group means for daily weight gain, there was significant heterosis effect on generations F1, F2 and F3, therefore with no reduction of heterosis over the generations for this trait; the direct heterosis estimate for generations F1, F2 and F3 was 2.41; 2.71; e 4.51%, respectively. Thus, significant heterosis effect occurred for most evaluated traits. There was reduction of heterosis effect on the reproductive traits over the crossing generations, whereas no reduction was verified for daily weight gain over the generations.

Keywords: daily weight gain, number of born pigs and heterosis reduction.

INTRODUÇÃO

A adoção de cruzamentos na produção animal também pode ser utilizada na formação de nova população, a partir de duas ou mais raças puras, com vistas a obter melhoramento genético de forma rápida, reunindo no animal as boas características das raças envolvidas no sistema de cruzamento. Segundo Cassady et al. (2002a), a otimização da utilização dos recursos genéticos em sistemas de cruzamentos é determinada pela diferença dos efeitos de raça relativos à magnitude dos efeitos de heterose e recombinação.

A heterose é o fenômeno pelo qual os filhos apresentam melhor desempenho do que a média dos pais e pode ser expressa como a diferença entre a média do desempenho dos animais cruzados e a média do desempenho dos puros. Dickerson (1973) definiu como perda por recombinação a fração média de pares de genes, com segregação independente, presentes nos gametas de ambos os pais, que se espera sejam combinações não parentais. Apesar da importância desses efeitos, Cassady et al. (2002a) ressaltaram que poucos trabalhos têm sido delineados para estimar simultaneamente esses efeitos genéticos, e, em particular, estimativas de recombinação são ainda mais escassas. Assim, não tendo estimativas de perda por recombinação, uma questão que fica em aberto na formação de novas populações a partir de cruzamentos é quanto de heterose se perde ao longo das gerações.

Segundo Cassady et al. (2002a), embora os efeitos epistáticos geralmente sejam assumidos serem favoráveis e efeitos de recombinação desfavoráveis, tanto epistasia quanto recombinação podem ter efeitos favoráveis para uma característica e desfavoráveis para outra, e no trabalho desenvolvido por esses autores o efeito de recombinação promoveu diminuição na área muscular e aumento na taxa de crescimento. De qualquer forma, Bass et al. (1992a) afirmaram que, quando a perda potencial por recombinação é importante, a utilização de cruzamentos de forma

sistemática é mais vantajosa na exploração da diferença entre as raças do que a formação de uma população sintética.

Embora heterose e outros efeitos advindos de cruzamentos são geralmente maiores nas características relacionadas ao desempenho reprodutivo, Bass et al. (1992b) ressaltaram que seus efeitos em características na pós-desmama não devem ser ignorados, sendo as estimativas de heterose de características de carcaça e eficiência alimentar geralmente baixas e não-significativas, enquanto as estimativas de ganho de peso diário têm sido mais importantes.

O objetivo deste trabalho foi estimar a heterose direta e o seu comportamento ao longo das gerações de cruzamento entre duas linhas puras de suínos da raça Large White.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de três linhas (L1, L2 e L3) de suínos da raça Large White mantidas pelo Programa de Melhoramento Genético da empresa Sadia S.A., em duas granjas núcleos localizadas no Estado de Santa Catarina, relativos ao período de 1991 a 1999, em que a característica de desempenho foi mesurada em 9.599 indivíduos e as características reprodutivas, em 1.416 fêmeas.

As linhas L1 e L2 são linhas puras de diferentes origens mantidas pelo programa da empresa. Machos da linha L2 foram acasalados com fêmeas da linha L1, produzindo animais F1, que acasalaram entre si, originando os indivíduos F2, que também acasalaram entre si e originaram os indivíduos F3, sendo todos esses grupos pertencentes à linha L3.

A característica de desempenho avaliada foi ganho de peso diário (GPD), e as características reprodutivas foram número de leitões total nascidos (NTL), número de leitões nascidos vivos (NLNV) e peso da leitegada ao nascimento (leitões vivos) (PLN), medidas no primeiro parto. Na Tabela 1 é apresentado o número de

observações para cada grupo de característica, segundo o grupo genético dos animais.

Tabela 1 – Número de animais segundo o grupo genético dos dois grupos de características

Grupo Genético	Características de Desempenho	Características Reprodutivas
Linha 1	229	149
Linha 2	2.934	549
F1	1.686	353
F2	3.949	297
F3	761	68
Total	9.599	1.416

A característica GPD foi analisada de acordo com o seguinte modelo:

$$y_{ijklm} = \mathbf{m} + GG_i + GC_j + S_k + L_l + e_{ijklm}$$

em que y_{ijklm} = observação do indivíduo m , do grupo genético i , do grupo contemporâneo j , do sexo k , da leitegada l ; \mathbf{m} = média geral; GG_i = efeito do grupo genético i ; GC_j = efeito do grupo contemporâneo j ; S_k = efeito do sexo k ; L_l = efeito da leitegada l ; e e_{ijklm} = efeito do erro aleatório associado à observação y_{ijklm} .

O efeito materno não foi significativo em análises preliminares, não sendo considerado nas análises. Os grupos contemporâneos foram formados pela combinação do mês de nascimento (1- dezembro a fevereiro; 2- março a maio; 3- julho a agosto; e 4- setembro a novembro) com o ano de nascimento dos animais. Na análise de consistência dos dados foram eliminados os grupos contemporâneos com apenas um grupo genético.

As características NTL e NLNV foram analisadas segundo o seguinte modelo:

$$y_{ijk} = \mathbf{a} + GG_i + GC_j + b(IDPP_{ijk} - IDPM) + e_{ijk}$$

em que y_{ijk} = valor observado do indivíduo k , do grupo genético i , do grupo contemporâneo j ; \mathbf{a} = constante; GG_i = efeito do grupo genético i ; GC_j = efeito do grupo contemporâneo j ; b = coeficiente de regressão da co-variável idade da porca ao parto; $IDPM$ = média de idade ao parto; $IDPP_{ijk}$ = idade ao parto do indivíduo k , do grupo genético i , do grupo contemporâneo j ; e e_{ijk} = efeito do erro aleatório associado à observação y_{ijk} .

Na característica PLN também foi adicionada como co-variável o número de leitões ao parto. Em razão dos efeitos comuns de leitegada e materno não terem sido significativos em análises preliminares, eles não foram considerados nessas análises.

As estimativas de heterose (média dos animais cruzados – média das linhas paternas) exibida em cada geração foram calculadas por meio de contrastes entre as médias dos grupos genéticos pertinentes a cada situação. Na Tabela 2 são apresentados os contrastes com os respectivos sentidos biológicos assumidos neste trabalho.

Tabela 2 – Contrastes entre as médias dos grupos genéticos e os respectivos sentidos biológicos

Contraste	Sentido Biológico
F1-Pais	Estima a heterose direta
F2-Pais	Estima a heterose direta mantida na geração F2
F3-Pais	Estima a heterose direta mantida na geração F3
F2-F1	Estima a redução de heterose da geração F2 em relação a F1
F3-F2	Estima a redução de heterose da geração F3 em relação a F2

A significância estatística dos contrastes entre médias foi verificada computando-se estatísticas t e comparando-as aos valores tabulados da distribuição t a 1% de probabilidade. As análises estatísticas foram realizadas por meio do procedimento GLM do programa estatístico *Statistical Analysis System* (SAS,1990).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias de quadrados mínimos das características avaliadas por grupo genético são apresentadas na Tabela 3, sendo na Tabela 4 apresentadas as estimativas dos contrastes entre as médias dos grupos genéticos em todas as características avaliadas.

Tabela 3 – Média de quadrados mínimos do número total de leitões nascidos (NTL) e nascidos vivos (NLNV), peso da leitegada ao nascimento (PLN) e ganho de peso diário (GPD)

Grupo Genético	NTL	NLNV	PLN (kg)	GPD (gramas)
Linha 1	9,40	8,84	14,239	667
Linha 2	11,20	10,57	13,062	663
F1	11,20	10,53	13,162	681
F2	10,64	9,97	13,634	683
F3	10,35	9,40	13,022	695

As médias das características nas linhas puras estão dentro das amplitudes reportadas em outros trabalhos envolvendo populações nacionais de suínos da raça Large White. Por exemplo, Pires (1999) reportou a média de 9,46 leitões nascidos vivos por parto, valor esse intermediário ao das médias das duas linhas puras. Quanto ao peso da leitegada ao nascimento, a estimativa de 13,000 kg obtida por esse autor foi inferior às duas médias das linhas puras avaliadas neste trabalho. O ganho de peso diário foi avaliado neste trabalho do nascimento até aproximadamente 100 kg de peso vivo, e nas estimativas reportadas por Pita (2000) e Costa (1999) foram consideradas o ganho de peso de 64 e 70 dias em diante, respectivamente, não sendo possível comparar os valores, porém Torres Filho (2001), trabalhando com informações da Linha 2 avaliada neste trabalho, encontrou em machos GPD, do início do teste de conversão até aproximadamente 100 kg, estimativas maiores do que as reportadas por Pita (2000) e Costa (1999). Assim, as linhas avaliadas neste trabalho apresentaram desempenho competitivo.

Tabela 4 – Estimativas dos contrastes entre as médias de grupos genéticos das características número total de leitões nascidos (NTL) e nascidos vivos (NLNV), peso da leitegada ao nascimento (PLN) e ganho de peso diário (GPD)

Contraste	NLNT	NLNV	PLN (kg)	GPD (gramas)
F1-Pais	1,78**	1,64**	-0,976	32,17**
F2-Pais	0,69	0,52	-0,032	36,17**
F3-Pais	0,10	-0,59	-1,258	60,61**
F2-F1	-0,54	-0,56	0,472	1,98
F3-F2	-0,29	-0,56	-0,613	12,22**

** Significativo pelo teste t ($P < 0,01$).

A heterose direta observada na geração F1 de 8,74% para número de leitões nascidos total e de 8,50% para nascidos vivos indica vantagens na utilização de cruzamentos quanto a essa característica. Tais valores são semelhantes ao das estimativas 8,30% e 10,00% para número de leitões nascidos total e nascidos vivos, respectivamente, obtidas por Baas et al. (1992a), e maiores do que as estimativas de -0,60 e 3,8%, obtidas no experimento 1, relatado por Cassady et al. (2002a), e inferiores às estimativas de 36,50 e 38,30% obtidas no experimento 2.

Tanto para NLNT para NLNV, observaram-se efeitos ($P < 0,01$) dos contrastes que estimam as heteroses diretas na geração F1, sendo que os efeitos das heteroses nas gerações F2 e F3 não ocorreram ($P > 0,01$), o que indica decréscimo dessas características da geração F1 para as gerações F2 e F3, apesar da ausência ($P > 0,01$) dos efeitos dos contrastes F2-F1 e F3-F2. Baas et al. (1992a), estimando efeitos de heterose e recombinação para características de leitegada em suínos puros e cruzados das raças Hampshire e Landrace, por intermédio do contraste entre médias de grupos genéticos, reportaram que decréscimo significativo dessas características foi atribuído à recombinação.

Com relação a peso da leitegada, não foi observado diferença ($P > 0,01$) entre os contrastes de médias. A estimativa de heterose direta de ganho de peso diário foi de apenas 2,41% inferior ao valor 11,50% reportado por Bass et al. (1992b) e à amplitude de 7,30 a 26,5% reportada por Cassady et al. (2002b).

Quanto ao contraste entre as médias dos grupos genéticos para GPD, observou-se efeito ($P < 0,01$) de heterose nas gerações F1, F2 e F3, não sendo verificado assim redução de heterose ao longo das gerações para essa característica, resultado esse concordante com os de Cassady et al. (2002b). Apesar de o contraste F2-F1 ter sido nulo ($P > 0,01$), o contraste F3-F2 não o foi ($P < 0,01$), o que evidencia, segundo Cassady et al. (2002b), que as novas combinações gênicas advindas do cruzamento de reprodutores e matrizes cruzadas tendem a aumentar a taxa de crescimento de suínos.

A formação de populações compostas dentro de sistemas de produção de suínos vem sendo utilizada como forma de explorar a complementariedade e heterose; neste trabalho, observou-se que a heterose ocorreu ($P < 0,01$) em todas as características avaliadas, exceto quanto a peso da leitegada ao nascimento, porém, não se verificou redução ($P > 0,01$) dessa heterose ao longo das gerações apenas na característica ganho de peso diário.

CONCLUSÕES

Existe efeito de heterose na maioria das características em função do cruzamento de animais de linhas diferentes da mesma raça de suínos.

Observou-se redução do efeito de heterose nas características reprodutivas da geração F1 para F2 e F3, o que não foi verificado com relação a ganho de peso diário.

REFERÊNCIAS

BASS, T.J.; CHRISTIAN, L.L.; ROTHSCHILD, M.F. Heterosis and recombination effects in Hampshire and Landrace Swine: I. Maternal traits. *J. Anim. Sci.*, v. 70, p. 89-98, 1992a.

BASS, T.J.; CHRISTIAN, L.L.; ROTHSCHILD, M.F. Heterosis and recombination effects in Hampshire and Landrace Swine: II. Performance and carcass traits. *J. Anim. Sci.*, v. 70, p. 99-105, 1992b.

CASSADY, J.P.; YOUNG; L.D.; LEYMASTER, K.A. Heterosis and recombination effects on pig growth and carcass traits. *J. Anim. Sci.*, v. 80, p. 2286-2302, 2002a.

CASSADY, J.P.; YOUNG; L.D.; LEYMASTER, K.A. Heterosis and recombination effects on pig reproductive traits. *J. Anim. Sci.*, v. 80, p. 2303-2315.

COSTA, A.R.C. *Avaliação genética e valores econômicos de características de desempenho em suínos*. Viçosa, MG: UFV, Departamento de Zootecnia, 1999. 50 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

DICKERSON, G.E. 1973. Inbreeding and heterosis in animals. In: *Proc. Animal Breeding and Genetics Symp.* In Honor of J. L. Lush. p. 54-77. ADSA and ASAS, Champaign, IL.

LOPES, P.S.; FREITAS, R.T.F., FERREIRA, A.S. 1998. *Melhoramento de suínos*. Viçosa, MG: UFV, 39 p. (Caderno Didático, 37).

PIRES, AV. *Avaliação genética de características reprodutivas em suínos*. Viçosa, MG: UFV, 1999. 83 f. (Dissertação Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PITA, F.V.C. *Modelos para avaliação genética e comparação de características de desempenho para a seleção de suínos*. Jaboticabal, UNESP, 2000. 157 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. SAS User's guide. *Statistics version 6*. 4. edition. Cary: SAS Institute Inc., 1990. 1686 p.

TORRES FILHO, R.A. *Avaliação genética de características de desempenho e reprodutivas em suínos*. Viçosa, MG: UFV, 2001. 79 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CAPÍTULO 3

ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE DIFERENTES GRUPOS GENÉTICOS DE SUÍNOS

RESUMO

A divergência genética entre quatro grupos genéticos formados pelos cruzamentos entre duas linhas de suínos da raça Large White foi avaliada, utilizando-se técnicas de análise multivariada. Os grupos genéticos avaliados foram F1, F2, F1xF2 e F3, sendo as características incluídas no estudo ganho de peso diário, idade da porca ao primeiro parto, número de leitões nascidos vivos, número de leitões aos 21 dias e peso da leitegada ao nascimento e peso da leitegada aos 21 dias. A análise de variância indicou a existência de divergência genética entre os grupos genéticos. Os resultados dos testes de união-interseção de Roy evidenciaram superioridade dos grupos genéticos para características distintas, indicando variabilidade entre os genótipos ao longo da formação da linha. Na análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher, observou-se a formação de apenas dois grupos, sendo um constituído apenas pelo grupo genético F1 e o outro grupo, pelos demais grupos avaliados. Pela análise de variáveis canônicas, verificou-se que a primeira variável canônica transformada foi suficiente para explicar 94,20% da variação total nos dados originais. A dispersão gráfica dos quatro grupos genéticos em relação à primeira variável canônica leva à formação dos mesmos grupos obtidos pelo método de agrupamento de Tocher.

Palavras-chave: Análise multivariada, distância generalizada de Mahalanobis ao quadrado, método de agrupamento de otimização de Tocher e variáveis canônicas.

GENETIC DIVERGENCE BETWEEN DIFFERENT SWINE GENETIC GROUPS

ABSTRACT

The genetic divergence between four genetic groups formed by the crossings between two lines of Large White pigs was evaluated using multivariate analysis. The evaluated genetic groups were F1, F2, F1xF2 and F3, and the studied traits daily weight gain, gilt age at first farrowing, number of live born pigs, number of pigs at 21 days, litter birth weight and litter weight at 21 days. The analysis of variance indicated genetic divergence between the groups. The results from the union-intersection test of Roy showed superiority of genetic groups for different traits, indicating variability between the genotypes over line formation. The analysis by Tocher's method separated the genotypes in only two groups, being one formed only by the genetic group F1 and another by the other evaluated groups. The analysis by canonical variables showed that the first transformed canonical variable was enough to explain 94.20% of the total variation in the original data. The graphical dispersion of the four genetic groups in relation to the first canonical variable gave the same groups obtained by the Tocher's method.

Keywords: Multivariate analysis, Mahalanobis D^2 distance, Tocher's method and canonical variables.

INTRODUÇÃO

A realização de cruzamentos de forma sistêmica na produção animal pode ter diversas finalidades, como produzir animal específico, proporcionar maior flexibilidade ao sistema de produção e incorporação de material genético de forma rápida (BARBOSA, 1999). Outra aplicação é a formação de nova linha, ou raça, a partir do cruzamento entre genótipos de origens diferentes, para produzir animais com atributos das linhas formadoras, ampliar a base genética da população e minimizar os efeitos deletérios advindos do acréscimo do coeficiente de endogamia. Uma das conseqüências dos cruzamentos são o aumento da heterozigose e o conseqüente aumento da variância genética não aditiva atribuída, principalmente, aos efeitos de dominância, sobredominância e epistasia.

Etapa importante na avaliação genética de nova linha formada pelo cruzamento entre animais de origens diferentes é a verificação da existência de divergência genética entre os diversos grupos genéticos originados no processo de formação da linha, a qual pode ser avaliada pelos estudos de divergência genética (CRUZ et al., 2004).

Técnicas de análise multivariada combinam, simultaneamente, múltiplas informações provenientes de uma unidade experimental, que não seriam possíveis de ser obtidas com o uso da análise univariada (VIANA et al., 2000). Como exemplo da utilização dessas técnicas, a análise multivariada, a análise de agrupamento e a análise de variáveis canônicas têm sido utilizadas por diversos autores (BARBOSA et al., 2005; TORRES FILHO et al., 2005; PIRES et al., 2002a,b; e FONSECA et al., 2000), no estudo de divergência genética entre progenitores de diferentes espécies de animais.

A análise de variância multivariada fornece resultados embasados na análise conjunta de todas as variáveis utilizadas, levando a conclusões com nível de confiança conhecido. Rao, segundo Demétrio (1985), afirmou que o procedimento da análise de variância multivariada consiste em analisar as variâncias e as co-

variâncias de variáveis correlacionadas por meio da comparação de matrizes de estimativas de variâncias e co-variâncias. Posteriormente, podem-se aplicar testes de comparações múltiplas como o da união-interseção de Roy para estudo do desempenho dos tratamentos dentro de cada variável considerada. Segundo Morrison (1967), o princípio da união-interseção de Roy deve ser utilizado como método de comparações múltiplas, uma vez que é a continuação lógica do teste do maior autovalor.

A técnica de análise de agrupamento tem a finalidade de reunir, por algum critério de classificação, os progenitores em vários grupos, de tal forma que existam homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Alternativamente, as técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo, ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade. Esse processo envolve, basicamente, duas etapas, a primeira relaciona-se à estimação de medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os progenitores e a segunda, à adoção de técnica de agrupamento para formação dos grupos (CRUZ et al., 2004).

Segundo Cruz et al. (2004), nos estudos da divergência genética utiliza-se a distância generalizada de Mahalanobis ao quadrado (D^2) como medida de dissimilaridade, uma vez que, ao contrário da distância euclidiana média, considera a correlação entre as características. Quanto à segunda etapa, escolha do método de agrupamento, os métodos, os mais utilizados em estudos de divergência genética, são os hierárquicos e os de otimização, sendo o método de otimização de Tocher o mais recomendado (PIASSI, 1994).

A análise de variáveis canônicas consiste na transformação das variáveis originais em variáveis padronizadas e não correlacionadas com a característica de manter o princípio do processo de conglomeração com base na distância D^2 de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1936, citado por CRUZ, 1990), além de considerar as matrizes de co-variâncias residuais e fenotípicas das características avaliadas. Esse novo complexo de variáveis retém, em ordem de estimação, o máximo de

informação em termos de variação total e explicará tanto melhor a variabilidade manifestada entre os indivíduos avaliados quanto menor for o número de variáveis que acumulem pelo menos 80% da variação total. Um dos objetivos desta análise foi proporcionar simplificação estrutural dos dados, de modo que a diferença entre tratamentos, influenciada a princípio por um conjunto p-dimensional (p = número de variáveis consideradas), pudesse ser avaliada por um complexo uni, bi ou tridimensional de fácil interpretação geométrica.

Ao realizar este trabalho, teve-se como objetivo avaliar a divergência genética entre diferentes grupos genéticos formados através do cruzamento de duas linhas puras de suínos da raça Large White.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de uma linha de suínos da raça Large White mantida pelo Programa de Melhoramento Genético da Empresa Sadia S.A., em granja localizada no Estado de Santa Catarina, relativos ao período de 1990 a 1999 e mensurados em 763 fêmeas. A linha avaliada nesta pesquisa (L3) foi obtida pelo cruzamento de animais de duas linhas puras diferentes (L1 e L2).

A partir do arquivo de “pedigree”, estabeleceu-se o grupo genético de cada animal em função do cruzamento que o originou, e em seguida foi realizada a análise de consistência dos dados. Na Tabela 1 são apresentados os sistemas de cruzamentos que originaram os grupos genéticos existentes na linha L3 (F1, F2, F1 x F2 e F3), bem como a proporção teórica de genes das Linhas L1 e L2.

Tabela 1 – Grupos genéticos, sistemas de cruzamentos que originaram cada grupo genético e a proporção teórica de cada grupo

Grupo Genético	Sistema de Cruzamento		Composição teórica	
	Pai	Mãe	L1	L2
L1	L1	L1	100%	0%
L2	L2	L2	0%	100%
L3				
F1	L2	L1	50%	50%
F2	F1	F2	50%	50%
F1 x F2	F1	F2	50%	50%
F3	F3	F3	50%	50%

Os grupos contemporâneos foram formados pela combinação do mês de nascimento (1- dezembro a fevereiro; 2- março a maio; 3- julho e agosto; e 4- setembro a novembro) com o ano de nascimento dos animais. Na análise de consistência dos dados foram eliminados os grupos contemporâneos com apenas um grupo genético.

A característica de desempenho avaliada foi ganho de peso diário (GPD), e as características reprodutivas foram idade ao primeiro parto (IDPP), número de leitões nascidos vivos (NLNV), número de leitões aos 21 dias de idade (NL21), peso da leitegada ao nascimento (leitões vivos) (PLN) e peso da leitegada aos 21 dias de idade (PL21), medidas no primeiro parto.

As análises estatísticas foram feitas utilizando o programa *Stastical Analysis System* (SAS,1998). As análises foram realizadas segundo o modelo:

$$y_{iilr} = \mathbf{m}_t + GG_{it} + GC_l + e_{iilr}$$

em que y_{iilr} = valor observado na característica t , do grupo genético i , no grupo contemporâneo l , na fêmea r ; \mathbf{m}_t = média da característica t ; GG_{it} = efeito do grupo genético i na característica t (definidos anteriormente); GC_l = efeito do grupo contemporâneo l ; e e_{iilr} = efeito do erro aleatório associado à observação y_{iilr} .

Admite-se na análise que os erros $e_{tir} = [e_{ir1}, \dots, e_{irt}]$ têm distribuição multinormal com vetor de médias nulo e matriz de variâncias e co-variâncias Σ comum a todas as combinações i e r . Os e_{tir} correspondentes às diferentes unidades experimentais são independentemente distribuídos.

Em contraste com a análise univariada, na análise de variância multivariada (MANOVA) obtêm-se matrizes de somas de quadrado e produto de dimensões $t \times t$ (6×6 , número de características). Sendo A a matriz de soma de quadrados e produtos totais, H a de tratamentos e R a de residuais. A hipótese a ser testada pela MANOVA é a de igualdade de vetores de média, ou seja, $H_0 : GG_{\sim 1} = GG_{\sim 2} = GG_{\sim 3} = GG_{\sim 4}$. Para testar essa hipótese, foi utilizado o teste do maior autovalor de Roy a 5% de probabilidade.

Em seqüência à análise de variância multivariada, foi aplicado o teste de Roy e Bose, com a finalidade de identificar as fontes de variação que causaram a diferença apontada pela MANOVA. Contrastes entre os grupos genéticos foram construídos para cada característica. Assim, considerando a característica t para testar um contraste entre as médias ($Y = c_1m_{11} + c_2m_{21} + c_3m_{31} + c_4m_{41}$, com $\sum_{i=1}^4 c_i^2 = 0$), calcula-se a seguinte diferença mínima significativa (DMS):

$$DMS = \sqrt{\frac{q_a}{1 - q_a} \cdot \frac{SQR_r}{r} \cdot \sum_{i=1}^4 c_i^2}$$

em que q_a = valor crítico de Roy em nível α de probabilidade e SQR_r = soma de quadrados do resíduo para a variável t e aproximação do número de repetições, utilizando-se a média harmônica.

As análises de agrupamento foram realizadas adotando-se a distância generalizada de Mahalanobis ao quadrado (D^2) como medida de dissimilaridade, e como método de agrupamento foi empregado o de otimização de Tocher.

A distância generalizada de Mahalanobis (ao quadrado) entre os grupos genéticos i e i' é dada por $D_{ii'}^2 = (\bar{X}_i - \bar{X}_{i'})R^{-1}(\bar{X}_i - \bar{X}_{i'})$, em que R é a matriz de covariância residual; e $\bar{X}_i - \bar{X}_{i'}$ são vetores p -dimensionais de médias dos grupos genéticos i e i' , respectivamente (MAHALANOBIS, 1936; CRUZ et al., 2004).

No método de Tocher, citado por Rao (1952), adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. A decisão de incluir um grupo genético em um grupo é tomada por meio de comparações entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e o valor máximo (q) da distância encontrada no conjunto das menores distâncias envolvendo cada grupo genético.

Identifica-se, inicialmente, o par de grupos genéticos que apresenta o menor valor de distância $D_{ii'}^2$, para formar o primeiro grupo, quando essa distância não supera o limite estabelecido. Na seqüência, de acordo com o critério adotado, avalia-se a possibilidade de inclusão de outros grupos genéticos no grupo ou se há necessidade de formação de outros grupos, seguindo o mesmo critério. O acréscimo médio no valor da distância intragrupo é obtido pela razão entre a distância entre o progenitor a ser inserido e o grupo que poderia recebê-lo e o número de grupos genéticos desse grupo.

Esquemáticamente, mostra-se o critério para formação do agrupamento:

$$D_{(ij)k}^2 = D_{ik}^2 + D_{jk}^2 \quad \text{ou} \quad D_{(ijk)l}^2 = D_{(ij)l}^2 + D_{kl}^2$$

Se $\frac{D^2(\text{Grupo})i}{g} \leq q \Rightarrow$ inclui-se o grupo genético

Se $\frac{D^2(\text{Grupo})i}{g} > q \Rightarrow$ não inclui-se o grupo genético

em que:

q = limite de acréscimo adotado; j, k, l = grupos genéticos do grupo; i = grupo genético a ser incluído, ou não, no grupo; e g = número de grupos genéticos que constitui o grupo que está sendo formado.

Esse método diferencia-se dos hierárquicos por serem os grupos formados mutuamente exclusivos ou, sob contexto de teoria de conjuntos, por subdividir o grupo original em subgrupos não-vazios, cuja interseção é nula e a união reconstitui o conjunto total (CRUZ, 1990).

A análise de variáveis canônicas foi utilizada para avaliar o grau de similaridade genética entre os grupos genéticos, uma vez que possibilita a identificação de grupos similares em gráficos de dispersão uni, bi ou tridimensionais de fácil interpretação geométrica.

A solução do sistema $(F - \mathbf{I}_k \hat{\Sigma}) \mathbf{a} = \mathbf{f}$ estima as variâncias de cada variável canônica e os coeficientes de ponderação das características. A solução de $|F - \mathbf{I}_k \hat{\Sigma}| = 0$ estima a variância k, pela raiz da característica (autovalor) de ordem correspondente, em que:

F = a matriz de co-variâncias entre médias de genótipos (matriz de co-variâncias fenotípicas); $\hat{\Sigma}$ = a matriz de co-variâncias residuais; \mathbf{I}_k = raízes características (autovalores); e $\mathbf{a}_{\sim k}$ = vetor característico (autovetor) associado a cada estimativa das raízes características, sendo os elementos desse vetor os coeficientes de ponderação.

A importância relativa das variáveis canônicas foi medida pela porcentagem de seus autovalores (variâncias) em relação ao total dos autovalores, ou seja, a porcentagem da variância total que elas explicam.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram observadas diferenças ($p < 0,05$) entre os vetores de médias (grupos genéticos) pelo teste do maior autovalor de Roy. Considerando as características avaliadas neste trabalho e a espessura de toucinho, Torres Filho et al. (2005) também observaram diferenças significativas entre os vetores de médias de duas linhas puras de suínos.

As médias das características avaliadas em cada grupo genético e o resultado do teste de comparações múltiplas da união-interseção de Roy estão apresentados na Tabela 2. Em relação à idade ao primeiro parto, os grupos genéticos F1 x F2 e F3 apresentaram as menores ($P < 0,05$) médias, enquanto F1 e F2, as maiores ($P < 0,05$). Quanto à característica número de leitões nascidos vivos, o grupo genético F1 apresentou maior ($P < 0,05$) média que a do F1 x F2, não havendo diferença ($P > 0,05$) entre os demais grupos. Com relação a peso da leitegada ao nascimento, o grupo genético F1 x F2 apresentou menor ($P < 0,05$) média que o grupo F2. Já para peso da leitegada aos 21 dias o grupo genético F1 apresentou maior ($P < 0,05$) média em relação aos grupos F1 x F2 e F3, não diferindo ($P > 0,05$) apenas do grupo genético F2. Em relação a ganho de peso diário, os grupos genéticos F2 F1 x F2 exibiram as maiores ($P < 0,05$) médias.

Tabela 2 – Médias dos grupos genéticos das características idade ao primeiro parto (IDPP), número de leitões nascidos vivos (NLNV), número de leitões aos 21 dias de idade (NL21), peso da leitegada ao nascimento (PLN), peso da leitegada aos 21 dias de idade (PL21) e ganho de peso diário (GPD)

Grupo Genético	IDPP (dias)	NLNV	NL21	PLN (kg)	PL21 (kg)	GPD (g)
F1	335,89 ^A	10,21 ^A	8,93 ^A	12,90 ^{A,B}	56,34 ^A	606,57 ^C
F2	340,58 ^A	9,90 ^{A,B}	9,05 ^A	13,10 ^A	52,57 ^{A,B}	681,91 ^A
F1xF2	304,48 ^B	9,28 ^B	8,55 ^A	12,06 ^B	48,97 ^B	676,31 ^{AB}
F3	305,96 ^B	9,63 ^{A,B}	8,94 ^A	12,24 ^{A,B}	49,44 ^B	669,16 ^B
DMS*	15,25	0,82	0,81	1,01	5,00	9,79

* Médias seguidas por letras distintas na coluna diferem entre si, pelo teste da união-interseção de Roy ($P < 0,05$).

As distâncias generalizadas de Mahalanobis ao quadrado (D^2) entre os pares de grupos genéticos são apresentadas na Tabela 3. Verifica-se, nessa tabela, que o valor máximo da distância D^2 foi obtido entre os grupos genéticos F1 e F1 x F2 ($D^2 = 3,7695$) e o valor mínimo entre F1 x F2 e F3 ($D^2 = 0,1156$), indicando que os grupos genéticos F1 x F2 e F3 são os mais similares e que F1 e F1 x F2, os mais divergentes. Cabe aqui destacar a observação de Silveira Neto (1986) de que, para qualquer medida de dissimilaridade, os valores só são comparáveis dentro do mesmo estudo, não tendo validade a comparação de resultados de semelhança entre indivíduos ou amostras que não estiverem envolvidos na sua determinação.

Tabela 3 – Distâncias generalizadas de Mahalanobis ao quadrado (D^2) entre os grupos genéticos

Grupo Genético	F2	F1 x F2	F3
F1	3,58431	3,76957	3,54600
F2		0,34402	0,50859
F1xF2			0,11565

Na análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher, observou-se a formação de apenas dois grupos (sendo o grupo I = F2, F1 x F2 e F3 e o grupo II = F1). Na Tabela 4 estão apresentadas as distâncias médias intra e intergrupos estabelecidas pelo método de otimização de Tocher. Verificou-se que a distância média intragrupo é menor que a distância média intergrupo.

Tabela 4 – Distâncias médias intra e intergrupos

Grupo	I (F2, F1 x F2, F3)	II (F1)
I	0,3228	3,6333

Por meio das médias entre os grupos formados pela análise de agrupamento, é possível estudar as diferenças de todas as características avaliadas. Na Tabela 5 são apresentadas as médias das características em cada grupo formado pela análise de agrupamento.

Tabela 5 – Médias das características, em cada grupo

Características	I (F2, F1 x F2, F3)	II (F1)
Idade da porca ao primeiro parto (dias)	317	335
Número de leitões nascidos vivos	9,60	10,21
Número de leitões aos 21 dias de idade	8,85	8,93
Peso da leitegada ao nascimento (kg)	12,47	12,90
Peso da leitegada aos 21 dias de idade (kg)	50,33	56,34
Ganho de peso diário (g)	675,79	606,57

O grupo I apresentou maior ganho de peso e menor idade ao primeiro parto em relação ao II. Quanto às características de leitegada, o grupo II apresentou melhores resultados em relação ao grupo I, sendo a diferença em número de leitões nascidos vivos e peso da leitegada aos 21 de maior amplitude do que nas outras duas características. Considerando-se que o grupo II é constituído pelas gerações sucessivas da F1, os resultados indicam que houve redução na “performance” das características de leitegada da geração F1 para as demais, perda essa que, segundo Baas et al. (1992a), pode ser atribuída à recombinação. Os resultados evidenciam, assim, que a seleção na linha em desenvolvimento deve ser focada nas características de leitegada.

Pela análise de variáveis canônicas, observou-se que a primeira variável canônica transformada foi suficiente para explicar 94,20% da variação total nos dados originais (Tabela 6). Segundo Regazzi (2002), quando as primeiras variáveis explicam mais de 80% da variação total, é viável o estudo da divergência genética por meio das distâncias entre os grupos genéticos em gráficos de dispersão, cujas coordenadas são os escores relativos às primeiras variáveis canônicas. Assim, os resultados permitem o estudo do comportamento dos quatro grupos genéticos, por

meio apenas da primeira variável canônica. Pires et al. (2002a), ao observarem que a primeira variável canônica explicou 85,62% da variação observada, também concluíram que somente a primeira variável poderia ser utilizada para avaliar a divergência genética em relação às características reprodutivas entre suínos das raças Duroc, Landrace e Large White.

Tabela 6 – Variáveis canônicas (VC_i), autovalores (λ_i), porcentagem de variância ($\% \alpha^2$) e porcentagem da variância acumulada obtida da análise das seis características dos quatro grupos genéticos de suínos

VC_i	λ_i	$\% \alpha^2$	$\% \alpha^2$ acumulada
VC_1	0,8691	94,20	94,20
VC_2	0,0495	05,37	99,57
VC_3	0,0040	00,43	100,00

Na Tabela 7 são apresentados os escores das variáveis canônicas (médias canônicas) para os quatro grupos genéticos, sendo a distância entre os pontos proporcional ao grau de dissimilaridade entre os grupos genéticos.

A Figura 1 ilustra a dispersão gráfica dos quatro grupos genéticos em relação à primeira variável canônica. Nessa figura, observa-se a formação de dois grupos, um constituído pelos grupos genéticos F2, F1 x F2 e F3 e outro formado somente pelo grupo genético F1. Assim, a representação gráfica da primeira variável canônica leva à formação dos mesmos grupos obtidos pelo método de agrupamento de Tocher.

Tabela 7 – Médias canônicas da VC_1 (MC_1) nos quatro grupos genéticos

Grupo Genético	F1	F2	F1xF2	F3
MC_1	464,47	542,04	548,93	540,76

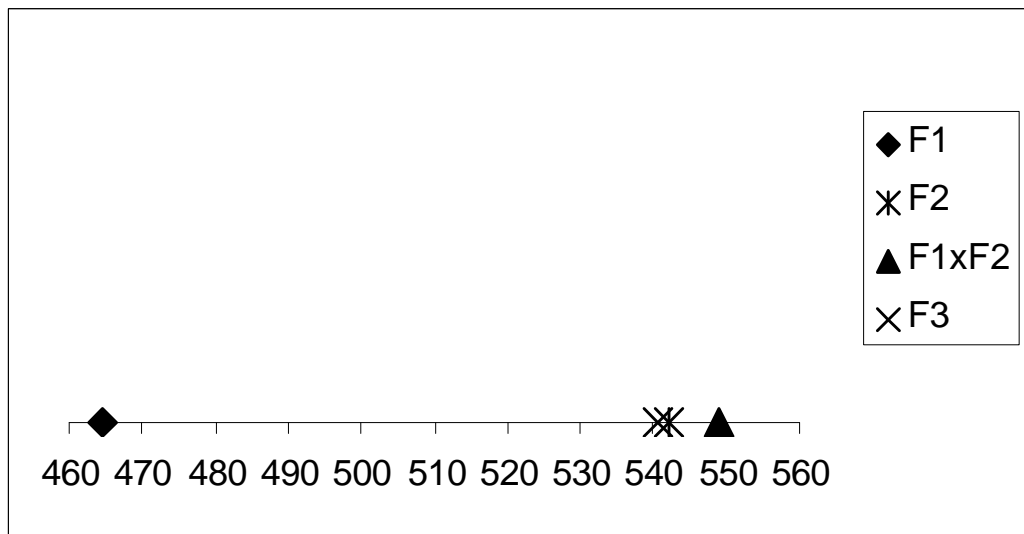


Figura 1 – Dispersão gráfica dos quatro grupos genéticos (F1, F2, F1 x F2 e F3) em relação à primeira variável canônica

CONCLUSÕES

Os grupos genéticos apresentam divergência genética que deve ser considerada nos processos de avaliação genética.

Os quatro grupos genéticos, segundo a análise de agrupamento, formam os grupos I (F2, F1 x F2 e F3) e II (F1).

REFERÊNCIAS

- BARBOSA, P.F. Raças e estratégias de cruzamento para produção de novilhos precoces. In: I SINCORTE, Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG, 1999. p. 1-20.
- BARBOSA, L. et al. Evaluation of genetic divergence among lines of laying hens using cluster analysis. *Braz. J. Poultry Sci.*, v. 7, n. 2. p. 79-84, 2005.
- BASS, T.J.; CHRISTIAN, L.L.; ROTHSCHILD, M.F. Heterosis and recombination effects in Hampshire and Landrace Swine: I. Maternal Traits. *J. Anim. Sci.*, v. 70, p. 89-98, 1992a.
- CARNEIRO, P.L.S. et al. Estudo da divergência genética entre linhagens de matrizes de frangos de corte por meio de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 75-83, 2002.
- CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba, SP: ESALQ, 1990. 188 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- CRUZ, CD.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390 f.
- DEMÉTIO, G.C. B. *Análise multidimensional para dados de cana-de-açúcar*. Piracicaba, SP: ESALQ, 1985. 144 f. Tese (Doutorado em Estatística) – Escola Superior “Luís de Queiroz”, Piracicaba.
- ELZO, M.A.; FAMULA, T.R. Multibreed sire evaluation procedures within a country. *Journal of Animal Science*, v. 60, n. 4, p. 942-952, 1985.
- FONSECA, R. et al. Estudo da divergência genética entre raças suínas utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 52, p. 403-09, 2000.
- FREITAS, R.T.F. *Estudo da divergência genética de suínos em cruzamentos, utilizando técnicas de análise multivariada*. Viçosa, MG: UFV, 1996. 152 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- FREITAS, R.T.F. et al. Análise dialéctica de características de leitegada de suínos usando-se variáveis canônicas. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 27, p.700-7006, 1998.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction of nonadditive genetic merits in noninbred populations. *J. Anim. Sci.*, v. 60, p. 111-117, 1985.

MORRISON, D.F. *Multivariate statistical methods*. New York: McGraw-Hill, 1967. 388 f.

LOPES, P.S.; FREITAS, R.T.F.; FERREIRA, A.S. *Melhoramento de suínos*. Viçosa, MG: UFV, 1998. 39 f. (Caderno Didático, 37).

PIASSI, M. *Avaliação de do desempenho de linhagens de postura mantidas na Universidade Federal de Viçosa, em competição com marcas comerciais*. Viçosa, MG: UFV, 1994. 86 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PIASSI, M. et al. Estudo da divergência genética entre oito grupos genéticos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 24, p. 715-727, 1995.

PIRES, A.V. et al. Estudo da divergência genética entre as raças suínas Duroc, Landrace e Large White, utilizando técnicas de análise multivariada. *Arch. Lat. Prod. Anim.*, v. 10, p. 81-85, 2002a.

PIRES, A.V. et al. Estudo da divergência genética entre seis linhas de aves Legorne utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Brás. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 314-319, 2002b.

RAO, C.R. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley & Sons, 1952.

REGAZZI, A.J. *Análise multivariada*. Viçosa, MG: DPI/UFV, 2002. (Notas de aula).

SILVEIRA NETO, S. Análise fenética. In: ALVES, S.B. (Coord.), *Controle microbiano de insetos*. São Paulo: Manole, 1986. p. 384-407.

STATISTICAL ANALISYS SYTEM INSTITUTE. *SAS User's guide: statistics version 6. 4. ed*. Cary: SAS Institute Inc., 1998. 1686 p.

TORRES FILHO, R.A. et al. Estudo da divergência genética entre linhas de suínos utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Brás. Med. Vet. Zootec.*, 2004. (aceito para publicação).

CAPÍTULO 4

HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS NOS GRUPOS GENÉTICOS DE UMA LINHA EM FORMAÇÃO DE SUÍNOS DA RAÇA LARGE WHITE

RESUMO

A heterogeneidade de variâncias das características ganho de peso diário (GPD), número de leitões nascidos vivos (NLNV) e peso da leitegada ao nascimento (PLN) atribuída aos grupos genéticos F1, F2 e F3 foi avaliada utilizando dados de uma linha de suínos da raça Large White em desenvolvimento, coletados no período de 1990 a 1999. As estimativas dos componentes de variâncias foram obtidas utilizando-se o programa MTDFREML. Foram avaliados dois tipos de modelo animal. No primeiro modelo (modelo unicaracterística), assumiram-se variâncias homogêneas entre os grupos genéticos, e o segundo considerou a expressão da característica em cada grupo genético como uma característica diferente (modelo tricaracterística). Após a estimação dos componentes de (co)variância, foi aplicado o teste de razão de verossimilhança para identificar o modelo mais adequado. A partir do arquivo com os valores genéticos estimados dos animais com os dois diferentes modelos, obteve-se a correlação de ordem entre as classificações dos animais, com o objetivo de verificar o efeito da heterogeneidade de variâncias no ordenamento das predições dos valores genéticos. Nas três características avaliadas, o modelo tricaracterística foi mais indicado, confirmando a importância de considerar a heterogeneidade de variâncias entre os três grupos genéticos. Em GPD, NLNV e PLN, as maiores estimativas de herdabilidade foram obtidas no grupo genético F3 (0,79; 0,34; e 0,33, respectivamente) e as menores, no grupo genético F1 (0,48; 0,14; e 0,12, respectivamente). As correlações genéticas entre os grupos genéticos indicaram que os grupos menos relacionados são o F1 e o F3 (0,19 em GPD e 0,49 em PLN). As correlações de ordem obtidas evidenciaram que a heterogeneidade de variância exerce mais efeito na classificação dos animais quanto à característica ganho de peso diário do quanto ao número de leitões nascidos vivos e peso da leitegada ao nascimento.

Palavras-chave: Correlação de ordem, modelo animal, razão de verossimilhança e REML.

VARIANCE HETEROGENEITY IN GENETIC GROUPS OF A LINE IN FORMATION OF LARGE WHITE SWINES

ABSTRACT

The variance heterogeneity of the traits daily weight gain (GPD), number of live born pigs (NLNV) and litter birth weight (PLN) of the genetic groups F1, F2 and F3 was evaluated using data of a Large White swine line in formation, from 1990 to 1999. The estimates of variance components were computed using the MTDFREML software. Two types of animal model were evaluated. In the first model (one-trait model), it was assumed homogeneous variances between the genetic groups, and the second considered the expression of the trait in each genetic group as a different trait (three-trait model). After estimating the (co)variance components, the maximum likelihood test was used to identify the most suitable model. The estimated genetic values from the two different models were used to obtain the order correlation between the animal classification in order to verify the effect of the variance heterogeneity on the predictions of genetic values. The three-trait model was the most recommended for the three evaluated traits, confirming the importance of taking into consideration the variance heterogeneity between the three genetic groups. For GPD, NLNV and PLN, the highest heritability estimates were obtained in the genetic group F3 (0.79; 0.34; e 0.33, respectively) and the lowest in the genetic group F1 (0.48; 0.14; and 0.12, respectively). The genetic correlations between the groups indicated that the less related groups are F1 and F3 (0.19 for GPD and 0.49 for PLN). The obtained order correlations showed that the variance heterogeneity has more effect on animal classification for daily weight gain than for the number of live born pigs and litter birth weight.

Keywords: Order correlation, animal model, maximum likelihood and REML.

INTRODUÇÃO

No processo de formação de uma nova linha a partir do cruzamento entre indivíduos de linhas puras distintas, são formados diferentes grupos genéticos, os quais podem diferir tanto em média quanto em variabilidade. Fato esse evidenciado por Torres Filho (2005c), que, ao adotar técnicas de análise multivariada, observou diversidade genética entre diferentes grupos genéticos originados na formação de uma linha de suínos da raça Large White, a partir do cruzamento entre duas diferentes linhas puras.

No processo de seleção de uma linha em desenvolvimento, animais de diferentes grupos genéticos são submetidos à seleção simultaneamente, e, em função das diferenças entre eles, deve existir heterogeneidade de variâncias entre os diferentes grupos. Ignorar a potencial heterogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos envolvidos no processo de seleção pode, segundo Van Vleck (1994), reduzir a acurácia dos valores genéticos preditos dos reprodutores.

Em diferentes populações de bovinos tem sido observado heterogeneidade de variâncias entre grupos genéticos diferentes. Oliveira et al. (2001) observaram variâncias heterogêneas entre os grupos genéticos participantes da formação da raça Canchim para peso aos 365 e 550 dias de idade. Ao avaliarem características de carcaça, Crews e Franke (1998) observaram heterocedasticidade entre os diferentes grupos genéticos, grupos esses formados segundo a fração racial esperada da raça Brahman. Rodriguez-Almeida et al. (1995) relataram variâncias heterogêneas de reprodutor e fenotípicas para peso aos 220 e 365 dias, em animais filhos de touros de 22 raças diferentes acasaladas com fêmeas Aberdeen Angus e Hereford.

Ao avaliar a heterogeneidade de variâncias entre diferentes rebanhos de suínos quanto à característica espessura de toucinho, See (1998) concluiu que os efeitos de heterogeneidade de variâncias devem ser considerados nos procedimentos de avaliação genética de suínos.

Para estimar os componentes de variância dos diferentes grupos genéticos Oliveira et al. (2001) e Crews e Franke (1998) utilizaram a estratégia de considerar como características diferentes a mesma nos diferentes grupos genéticos.

Os objetivos deste trabalho foram testar diferentes modelos na avaliação genética e avaliar a ocorrência da heterogeneidade de variância entre os grupos genéticos formadores de uma linha de suínos da raça Large White e seu efeito na classificação dos animais quanto às características número de leitões nascidos, peso da leitegada ao nascimento e ganho de peso diário bem como também estimar as correlações genéticas entre os grupos com a relação à mesma característica.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de uma linha em desenvolvimento de suínos da raça Large White mantida pelo Programa de Melhoramento Genético da Empresa Sadia S.A., localizado no Estado de Santa Catarina, relativos ao período de 1990 a 1999. A característica de desempenho foi mensurada em 6.675 indivíduos e as características reprodutivas, em 589 fêmeas. As linhas que formaram a população em estudo são denominadas, de agora em diante, como L1 e L2 e a linha avaliada neste trabalho, L3.

As linhas L1 e L2 são linhas puras de diferentes origens mantidas pelo programa da empresa. Machos da linha L2 foram acasalados com fêmeas da linha L1, produzindo animais F1, que foram acasalados entre si, originando os indivíduos F2, que também acasalaram entre si e originaram os indivíduos F3, sendo todos esses grupos pertencentes à linha L3.

A partir do arquivo de “pedigree”, estabeleceu-se o grupo genético de cada animal em função do cruzamento que o originou; em seguida, realizou-se a análise de consistência dos dados. Na Tabela 1 são apresentados os sistemas de cruzamentos que originaram cada grupo genético existente na linha L3 e a proporção teórica de

genes das linhas L1 e L2, que constituem cada grupo genético. Considera-se isso proporção teórica dos genes, uma vez que apenas na primeira geração de cruzamentos se tem certeza de que 50%, dos genes são da linha paterna e os outros 50%, da linha materna; nas demais gerações, essa proporção de genes no genótipo das progênes pode ser alterada tanto pela segregação aleatória dos genes quanto pela própria seleção praticada, podendo favorecer o incremento na proporção de genes de uma das linhas (Van VLEK et al., 1987).

Tabela 1 – Grupos genéticos, sistemas de cruzamentos que os originaram e a proporção teórica de cada grupo

Grupo Genético	Sistema de Cruzamento		Composição Teórica	
	Pai	Mãe	L1	L2
L1	L1	L1	100%	0%
L2	L2	L2	0%	100%
F1	L2	L1	50%	50%
F2	F1	F1	50%	50%
F3	F2	F2	50%	50%

A característica de desempenho avaliada foi ganho de peso diário (GPD) e as características reprodutivas, número de leitões nascidos vivos (NLNV) e peso da leitegada ao nascimento (leitões vivos) (PLN). Na Tabela 2 é apresentado o número de observações de cada grupo de característica, segundo o grupo genético dos animais.

Tabela 2 – Número de registros segundo o grupo genético dos dois grupos de características

Grupo Genético	Característica de Desempenho	Características Reprodutivas
F1	1.923	405
F2	3.949	650
F3	803	134
Total	6.675	1.189

As estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995), que utilizaram a metodologia da máxima verossimilhança restrita livre de derivadas (DFREML). O MTDFREML utiliza o algoritmo simplex para localizar o mínimo de $-2 \log_e L$ (L = função de verossimilhança), e os componentes de (co)variância que minimizam a função $-2 \log_e L$ são estimativas de máxima verossimilhança. As herdabilidades e os valores genéticos preditos foram obtidos a partir desses componentes de variância.

Como critério de convergência, utilizou-se a variância dos valores do simplex ($-2 \log_e$ de verossimilhança), inferiores a 10^{-6} . Após cada convergência, o programa foi reiniciado, usando-se as estimativas obtidas anteriormente como valores iniciais. Esse procedimento foi repetido até que as diferenças entre as estimativas das duas últimas convergências fossem menores que 10^{-4} .

Para estimar os componentes de variância dos diferentes grupos genéticos, considerou-se cada grupo genético como característica diferente, mesmo procedimento adotado por Oliveira et al. (2001) e Crews e Franke (1998). Assim, foram utilizados dois modelos para as análises: unicaracterística – que considerou a expressão nos diferentes grupos como uma única característica, e tricaracterística – que considerou a expressão em cada grupo genético como uma característica diferente.

O modelo animal adotado nas análises unicaracterísticas incluiu como efeito aleatório o genético aditivo direto e residual, e como efeitos fixos foram considerados o grupo contemporâneo e o grupo genético do animal e para GPD, o sexo. O modelo adotado nas análises tricaracterísticas diferencia apenas por não considerar o efeito fixo de grupo genético, e nesse modelo a co-variância residual foi assumida como não existente.

Os grupos contemporâneos foram formados pela combinação do mês de nascimento (1- dezembro a fevereiro; 2- março a maio; 3- julho a agosto; e 4- setembro a novembro) com o ano de nascimento dos animais. Na análise de

consistência dos dados foram eliminados os grupos contemporâneos com apenas um grupo genético. O efeito da co-variável idade da porca ao parto, linear e quadrático, foi incluído nos modelos para número de leitões nascidos vivos e peso da leitegada ao nascer.

A caracterização das distribuições dos fatores, de efeito aleatório, contidos no modelo estatístico e as matrizes que representam componentes de variância estão representados da mesma forma descrita por Torres (1998).

Após a estimação dos componentes de (co)variância, foi aplicado o teste de razão de verossimilhança (MOOD et al., 1974), para identificar o modelo mais adequado, o uni ou o tricaracterística, sendo a diferença obtida entre os logaritmos dos valores da função de verossimilhança ($-2 \log_e L$), na convergência dos modelos com maior e menor número de parâmetros estimados, testada contra os valores obtidos na distribuição de χ^2 (qui-quadrado) a 1% de probabilidade e graus de liberdade dados pela diferença do número de parâmetros estimados pelos modelos em questão. No modelo unicaracterística, estimaram-se uma variância genética aditiva e uma residual, totalizando dois parâmetros, Já no tricaracterística estimaram-se três variâncias aditivas, três co-variâncias aditivas e três variâncias residuais, totalizando nove parâmetros. Assim, neste trabalho, o grau de liberdade utilizado foi igual a sete. A hipótese de nulidade testada (H_0) foi de que a variância seria similar entre os três grupos genéticos.

Os valores genéticos estimados dos indivíduos para cada característica com os dois diferentes modelos foram organizados em arquivos com o objetivo de verificar possíveis alterações no ordenamento das predições dos valores genéticos, quando o modelo mais adequado não fosse utilizado, por meio da correlação de ordem, correlação essa obtida utilizando o programa estatístico Statiscal Analysis System (SAS, 1998).

Considerando as particularidades inerentes ao sistema de reprodução adotado em Programas de Melhoramento Genético de suínos em que se adota geração, contínua e usualmente não se faz congelamento de sêmen, a seleção dos

indivíduos para reprodução é contínua, então as comparações dos candidatos à seleção podem ser feitas considerando todos os indivíduos, somente os reprodutores, somente as mães e ainda dentro de cada grupo genético. Com o intuito de verificar as alterações de classificação dos animais quando se avalia dentro de subgrupos específicos da população, foram feitos vários tipos de agrupamentos, segundo a categoria do animal, para obter diferentes comparações de classificações, a saber:

- a) Completo: todos animais foram considerados;
- b) Machos: foram classificados todos os machos;
- c) Fêmeas: foram classificadas todas as fêmeas;
- d) Reprodutores: foram classificados todos os pais; e
- e) Matrizes: foram classificadas todas as mães, sendo, também, essas mesmas comparações de classificações feitas dentro de cada grupo genético.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas três características avaliadas, ganho de peso diário, número de leitões nascidos vivos e peso da leitegada ao nascimento, o teste da razão de verossimilhança indicou que o modelo considerando os três grupos genéticos separadamente foi o mais adequado ($P < 0,01$) do que o modelo unicaracterística, o que indica a existência de heterogeneidade de variâncias entre os três grupos genéticos para as características avaliadas. A interpretação adequada de um teste significativo para heterogeneidade neste estudo é que as estimativas de variâncias genéticas e residuais diferem entre os grupos genéticos, sendo importante considerar as diferenças das estruturas de variância da população quando for estimar parâmetros genéticos (CREWS; FRANK, 1998). Oliveira et al. (2001) também encontraram efeito significativo de grupo genético de bovinos, formadores da raça Canchim, para as características peso aos 365 e 550 dias de idade. Já Crews e Frank

(1998) encontraram efeito significativo de grupo genético para diferentes características de carcaça de bovinos.

As estimativas dos componentes de variância e herdabilidades obtidas pelos modelos unicaracterística e tricaracterística estão resumidas nas Tabelas 3, 4 e 5. As estimativas obtidas dos parâmetros genéticos variaram segundo o modelo adotado para as três características avaliadas, concordando com o resultado do teste de razão de verossimilhança, que indicou a existência de diferença entre as estruturas de variâncias entre os grupos genéticos. Também podem ser observadas diferenças das estimativas entre os grupos genéticos avaliados, cujos resultados indicaram o grupo genético F3 como o de maior variabilidade genética e o de menor variabilidade residual para as três características avaliadas e, conseqüentemente, o que obteve as maiores estimativas de herdabilidade; e o grupo genético F1 foi considerado como o de menor variabilidade genética e maior residual e, conseqüentemente, as menores estimativas de herdabilidade. Oliveira et al. (2001), ao avaliarem informações de peso a idades específicas em bovinos e Crews e Frank (1998), ao avaliarem informações de carcaça de bovinos, também encontraram estimativas de parâmetros discordantes obtidas pelos diferentes modelos, assim como as obtidas para os diferentes grupos genéticos.

Tabela 3 – Estimativas de componentes de variâncias e herdabilidades, obtidas com modelos unicaracterística e tricaracterística para ganho de peso diário

	Unicaracterística	Tricaracterística		
		F1	F2	F3
Variância genética aditiva	1.272,58	1.380,88	1.456,80	2.008,72
Variância residual	1.574,31	1.515,35	1.307,73	530,96
Variância fenotípica	2.846,89	2.896,23	2.764,53	2.539,91
Herdabilidade	0,45	0,48	0,53	0,79

As estimativas de herdabilidades obtidas para ganho de peso diário foram maiores do que as reportadas por Costa et al. (2001), de 0,39 e 0,30; e de 0,32 e 0,33, por Pita et al. (2001); e 0,28 e 0,26, por Johnson et al. (2002).

Tabela 4 – Estimativas de componentes de variâncias e herdabilidades, obtidas com modelos unicaracterística e tricaracterística para número de leitões nascidos vivos

	Unicaracterística	Tricaracterística		
		F1	F2	F3
Variância genética aditiva	1,41	1,27	1,57	3,97
Variância residual	7,86	7,88	7,74	7,56
Variância fenotípica	9,26	9,15	9,30	11,54
Herdabilidade	0,15	0,14	0,17	0,34

Os valores estimados para herdabilidade para número de leitões nascidos vivos foram maiores do que a amplitude de 0,08 a 0,10, reportada por Chen et al. (2003), e menores a 0,22, encontrado por Kaufmann et al. (2000); e 0,19, obtido por Torres Filho et al. (2005a), com exceção do valor de 0,34, obtido para o grupo genético F3.

Tabela 5 – Estimativas de componentes de variâncias e herdabilidades, obtidas com modelos unicaracterística e tricaracterística para peso da leitegada ao nascimento

	Unicaracterística	Tricaracterística		
		F1	F2	F3
Variância genética aditiva	2,73	1,61	2,51	6,09
Variância residual	12,16	12,15	12,39	12,37
Variância fenotípica	14,89	13,77	14,91	18,47
Herdabilidade	0,18	0,12	0,17	0,33

As estimativas de herdabilidade do peso da leitegada ao nascimento foram elevadas em relação ao valor de 0,11, obtido por Upnmoor (1984), semelhante ao valor de 0,19, encontrado por Torres Filho (2005b) e dentro das amplitudes de 0,00 a 0,24 e 0,17 a 0,21, obtidas por Alves (1986) e Pires et al. (2000), respectivamente, exceto a obtida para o grupo genético F3.

As correlações genéticas entre os grupos genéticos, obtidas com o modelo tricaracterística, apresentadas na Tabela 6, indicaram que, para ganho de peso diário, os grupos genéticos F2 e F3 apresentaram a maior correlação e, para número de leitões nascidos e peso da leitegada ao nascimento, a maior correlação foi observada entre os grupos F1 e F2. Isso indica que não há padrão bem definido de associação genética entre os grupos genéticos para as três características avaliadas. Oliveira et al. (2001) também não encontraram padrão de associação genético definido entre três grupos genéticos de bovinos da raça Canchim, tanto peso aos 365 dias quanto aos 550 dias de idade.

Tabela 6 – Estimativas de correlações genéticas entre os grupos genéticos para as três características avaliadas

Característica	$r_{F1, F2}^*$	$r_{F1, F3}^*$	$r_{F2, F3}^*$
Ganho de peso diário (g)	0,08	0,19	0,89
Número de leitões nascidos vivos	0,89	0,88	0,57
Peso da leitegada ao nascimento (kg)	1,00	0,49	0,49

* $r_{F1, F2}$ = correlação genética entre os grupos genéticos F1 e F2; $r_{F1, F3}$ = correlação genética entre os grupos genéticos F1 e F3; e $r_{F2, F3}$ = correlação genética entre os grupos genéticos F2 e F3.

As altas estimativas de correlações obtidas eram esperadas, uma vez que se admitiu que a característica fosse biologicamente semelhante em todos os grupos. Os valores baixos obtidos (0,08 e 0,18) são um indicativo da necessidade de maior compreensão dos efeitos da heterogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos envolvidos no processo de avaliação de animais cruzados.

As correlações de ordem entre as classificações dos indivíduos, segundo valores genéticos obtidos com os modelos unicaracterística e tricaracterística, de acordo com os diferentes agrupamentos dos animais e a sua categoria e grupos genéticos, são apresentadas na Tabela 7. Crews e Frank (1998) consideraram que correlações de ordem menores que 0,90 podem resultar em alterações nas classificações dos animais quando se leva em conta ou não a existência de variância específica para cada grupo genético, sendo o mesmo adotado neste trabalho.

Não houve grandes diferenças (Tabela 7) das correlações entre as classificações em razão do agrupamento dos animais segundo a categoria.

Para ganho de peso diário, considerando a classificação envolvendo todos os grupos genéticos, a amplitude foi de 0,60 a 0,83, o que indica que a utilização do modelo menos indicado (unicaracterística) implicaria seleção diferente da que seria feita com o modelo tricaracterística. Considerando apenas os animais F1, a classificação de todos os animais, todos os machos e todas as fêmeas, não ocorre grande alteração na classificação obtida com o modelo unicaracterística em relação ao modelo tricaracterística, porém a classificação dos reprodutores e matrizes foi bastante influenciada pelo modelo. Levando-se em conta apenas os animais F2 ou F3, as classificações obtidas com o modelo unicaracterística foram semelhantes às obtidas com o modelo tricaracterística para esses grupos genéticos. Assim, para ganho de peso diário, se o modelo apropriado não for utilizado, pode ocorrer seleção errônea de animais para a reprodução em função da heterogeneidade de variâncias entre os grupos genéticos. Oliveira et al. (2001) obtiveram a amplitude das correlações entre as classificações de 0,86 a 0,95 e Crews e Frank (1998), a amplitude de 0,79 a 0,99.

Tabela 7 – Estimativas das correlações de ordem entre as classificações dos indivíduos segundo seus valores genéticos obtidos com os modelos unicaracterística e tricaracterística, de acordo com os diferentes agrupamentos e segundo sua categoria¹ e grupos genéticos²

Grupo de Animais	Todos Grupos Genéticos			Grupo Genético F1			Grupo Genético F2			Grupo Genético F3		
	$R_{u,F1}$ ³	$r_{u,F2}$	$r_{u,F3}$	$r_{u,F1}$	$r_{u,F2}$	$R_{u,F3}$	$r_{u,F1}$	$r_{u,F2}$	$r_{u,F3}$	$r_{u,F1}$	$r_{u,F2}$	$r_{u,F3}$
Ganho de Peso Diário (gramas)												
Completo	0,62	0,79	0,82	0,91	0,43	0,55	0,37	0,97	0,97	0,53	0,92	0,92
Machos	0,64	0,79	0,82	0,97	0,37	0,51	0,37	0,97	0,97	0,55	0,93	0,93
Fêmeas	0,60	0,80	0,83	0,90	0,50	0,61	0,37	0,97	0,97	0,52	0,92	0,92
Reprodutores	0,66	0,68	0,74	0,47	0,84	0,88	0,36	0,94	0,94			
Matrizes	0,62	0,81	0,84	0,57	0,87	0,89	0,45	0,97	0,94			
Número de Leitões Nascidos Vivos												
Completo	0,99	0,99	0,94	0,99	0,99	0,97	0,99	0,99	0,94	0,99	0,98	0,92
Machos	0,99	0,99	0,94	0,99	0,99	0,96	0,99	0,99	0,94	0,99	0,98	0,91
Fêmeas	0,99	0,99	0,94	0,99	0,99	0,97	0,99	0,99	0,94	0,99	0,98	0,92
Reprodutores	0,99	0,99	0,94	0,99	0,99	0,94	0,99	0,98	0,92			
Matrizes	0,99	0,99	0,96	0,99	0,99	0,97	0,99	0,99	0,93			
Peso da Leitegada ao Nascimento (kg)												
Completo	0,98	0,98	0,90	0,98	0,98	0,92	0,99	0,99	0,90	0,97	0,97	0,91
Machos	0,98	0,98	0,90	0,99	0,99	0,92	0,99	0,99	0,90	0,97	0,97	0,91
Fêmeas	0,98	0,98	0,90	0,98	0,98	0,94	0,99	0,99	0,90	0,97	0,97	0,92
Reprodutores	0,98	0,98	0,91	0,99	0,99	0,90	0,96	0,96	0,93			
Matrizes	0,98	0,98	0,92	0,98	0,98	0,94	0,99	0,99	0,90			

¹Completo: todos os animais foram considerados; Machos: foram classificados todos os machos; Fêmeas: foram classificadas as todas fêmeas; Reprodutores: foram classificados todos pais; e Matrizes: foram classificadas todas as mães.

²Todos os Grupos Genéticos: todos os animais foram considerados; Grupo Genético F1: foram considerados apenas os animais F1; Grupo Genético F2: foram considerados apenas os animais F2; e Grupo Genético F3: foram considerados apenas os animais F3.

³ $R_{u,F}$: Correlação de ordem entre as estimativas obtidas pela análise unicaracterística e tricaracterística para determinado grupo genético.

Para as características número de leitões nascidos vivos e peso da leitegada ao nascimento, todas as correlações, independentemente do agrupamento dos animais em função da categoria e do grupo genético, foram iguais ou superiores a 0,90, indicando que nessas características a heterogeneidade variâncias foi menos importante na reclassificação dos indivíduos do que para ganho de peso diário.

CONCLUSÕES

A heterogeneidade dos componentes de variâncias em função dos grupos genéticos é importante e deve ser considerada no processo de avaliação genética da linha em estudo.

Os grupos genéticos com maiores diferenças nas estimativas de herdabilidade e correlação genética são F1 e F3.

A utilização de modelos que consideram a existência de variâncias específicas para grupos genéticos (heterogeneidade de variâncias) é importante, principalmente, para ganho de peso diário.

REFERÊNCIAS

ALVES, R.G.O. *Estudo genético de características em suínos e avaliação de curvas de crescimento em cruzamentos dialélicos*. Viçosa, MG: UFV, 1986. 129 f. Tese (Doutorado) – Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BOLDMAN, K.G. et al. *A manual for use of MTDFREML; a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]*. Lincoln: U.S. Department of Agriculture/Agriculture Research Service, 1995. 115 p.

CHEN, P. et al. Genetic parameters and trends for litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *J. Anim. Sci.*, v. 81, p. 46-53, 2003.

COSTA, A.R.C. et al. Estimação de parâmetros genéticos em características de

desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 30, p. 49-55, 2001.

CREWS, D.H.; FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 1803-1809, 1998.

JOHNSON, Z.B.; CHEWNING, J.J.; NUGENT III, R.A. Maternal effects on traits measured during postweaning performance test of swine from four breeds. *J. Anim. Sci.*, v. 80, p. 1470-1477, 2002.

KAUFMANN, D. et al. Genetic parameters for individual birth and weaning weight for litter size of Large White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, v. 117, p. 121-128, 2000.

MOOD, A. M.; GRAYBILL, F. A., BOES, D. C. Tests of hypotheses. In:____. *Introduction to the theory of statistics*. Tokio: McGraw-Hill, 1974. p. 401-470.

OLIVEIRA, C.A.L. et al. Heterogeneidade de Variâncias nos Grupos Genéticos Formadores da Raça Canchim. *Rev. bras. zootec.*, v. 30, n. 4, p. 1212-1219, 2001.

PIRES, A.V. et al. Estimaco de parâmetros genéticos de características reprodutivas em suínos. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 29, p. 1698-1705, 2000.

PITA, F.V.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Comparaco de diferentes modelos para avaliacao genética de características de desempenho pós desmama de suínos. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 30, p. 1720-1727, 2001.

RODRÍGUEZ-ALMEIDA, F. A. L. D. et al. Heterogeneity of variance by sire breed, sex, and dam breed in 200- and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. *J. Anim. Sci.*, v. 73, p. 2579-2588, 1995.

SEE, M. T. Heterogeneity of (Co)variance among herds for backfat nmeasures of Swine. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 2568-2574, 1998.

STATISTICAL ANALISYS SYTEM INSTITUTE – SAS. *User's guide: Statistics* version 6. 4 ed. Cary: SAS Institute Inc., 1998. 1686 p.

TORRES FILHO, R.A. et al. Avaliaco de modelos para estimaco de componentes de (co)variância em características de desempenho e reprodutivas em suínos. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 33, p. 350-357, 2004.

TORRES FILHO, R.A. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas de suínos. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* (2005a) (prelo).

TORRES FILHO, R.A. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características de desempenho de suínos em fase de crescimento e terminação. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* (2005b) (prelo).

TORRES FILHO, R.A. Estudo da divergência genética entre diferentes grupos genéticos de suínos. Capítulo 3 (2005c).

TORRES, R.A. *Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil*. Belo Horizonte, MG: UFMG, 1998. 124 f. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

UPNMOOR, I. *Influência de fatores genéticos e de ambiente sobre a produtividade de suínos mestiços Landrace e Large White*. Viçosa, MG: UFV, 1984. 180 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

Van VLECK, L. D. Prediction error variances for interbreed EPD. In: GENETIC PREDICTION WORKSHOP, 4., 1994, Kansas. *Proceedings...* Kansas City, MO, 1994.

Van VLECK, L.D. et al. *Genetic for the animal sciences*. New York, 1987. p. 391.

CONCLUSÕES GERAIS

As duas linhas da raça Large White avaliadas e os grupos genéticos formados pelo cruzamento entre elas apresentam divergência genética tanto para características de desempenho quanto reprodutivas.

No processo de formação da linha cruzada, observou-se redução na heterose da geração F1 nas gerações F2 e F3, para as características número de leitões nascidos vivos e peso da leitegada ao nascimento, o que não foi verificado para ganho de peso diário. A seleção deve ser direcionada a suplantar essa perda de heterose.

A heterogeneidade dos componentes de variâncias entre os grupos genéticos (F1, F2 e F3) deve ser considerada na avaliação genética de linhas em formação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, R.G.O. *Estudo genético de características em suínos e avaliação de curvas de crescimento em cruzamentos dialélicos*. Viçosa, MG: UFV, 1986. 129 f. Tese (Doutorado) – Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BARBOSA, P.F. Raças e estratégias de cruzamento para produção de novilhos precoces. In: I SINCORTE, Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG, 1999. p. 1-20.

BARBOSA, L. et al. Evaluation of genetic divergence among lines of laying hens using cluster analysis. *Braz. J. Poultry Sci.*, v. 7, n. 2. p. 79-84, 2005.

BASS, T.J.; CHRISTIAN, L.L.; ROTHSCHILD, M.F. Heterosis and recombination effects in Hampshire and Landrace Swine: I. Maternal traits. *J. Anim. Sci.*, v. 70, p. 89-98, 1992a.

BASS, T.J.; CHRISTIAN, L.L.; ROTHSCHILD, M.F. Heterosis and recombination effects in Hampshire and Landrace Swine: II. Performance and carcass traits. *J. Anim. Sci.*, v. 70, p. 99-105, 1992b.

BOLDMAN, K.G. et al. *A manual for use of MTDFREML*; a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. Lincoln: U.S. Department of Agriculture/Agriculture Research Service, 1995. 115 p.

CARNEIRO, P.L.S. et al. Estudo da divergência genética entre linhagens de matrizes de frangos de corte por meio de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 75-83, 2002.

CASSADY, J.P.; YOUNG; L.D.; LEYMASTER, K.A. Heterosis and recombination effects on pig growth and carcass traits. *J. Anim. Sci.*, v. 80, p. 2286-2302, 2002a.

CASSADY, J.P.; YOUNG; L.D.; LEYMASTER, K.A. Heterosis and recombination effects on pig reproductive traits. *J. Anim. Sci.*, v. 80, p. 2303-2315.

CHEN, P. et al. Genetic parameters and trends for litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *J. Anim. Sci.*, v. 81, p. 46-53, 2003.

COSTA, A.R.C. *Avaliação genética e valores econômicos de características de desempenho em suínos*. Viçosa, MG: UFV, Departamento de Zootecnia, 1999. 50 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

COSTA, A.R.C. et al. Estimção de parâmetros genéticos em características de desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 30, p. 49-55, 2001.

CREWS, D.H.; FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 1803-1809, 1998.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba, SP: ESALQ, 1990. 188 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior Luiz de Queiroz, Piracicaba.

DEMÉTIO, G.C.B. *Análise multidimensional para dados de cana-de-açúcar*. Piracicaba, SP: ESALQ/USP, 1985. 144 f. Tese (Doutorado em Estatística) – Escola Superior de Agricultura “Luís de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

DICKERSON, G.E. 1973. Inbreeding and heterosis in animals. In: *Proc. Animal Breeding and Genetics Symp.* In Honor of J. L. Lush. p. 54-77. ADSA and ASAS, Champaign, IL.

ELZO, M.A.; FAMULA, T.R. Multibreed sire evaluation procedures within a country. *Journal of Animal Science*, v. 60, n. 4, p. 942-952, 1985.

FONSECA, R. et al. Estudo da divergência genética entre raças suínas utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 52, p. 403-09, 2000.

FONSECA, R. et al. Avaliação de frangos de corte utilizando técnicas de análise multivariada: I Características de carcaça. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 525-529, 2002.

FREITAS, R.T.F. *Estudo da divergência genética de suínos em cruzamentos, utilizando técnicas de análise multivariada*. Viçosa, MG: UFV, 1996. 152 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa

FREITAS, R.T.F. et al. Análise dialéctica de características de leitegada de suínos usando-se variáveis canônicas. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 27, p. 700-7006, 1998.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction of nonadditive genetic merits in noninbred populations. *J. Anim. Sci.*, v. 60, p. 111-117, 1985.

JOHNSON, Z.B.; CHEWNING, J.J.; NUGENT III, R.A. Maternal effects on traits measured during postweaning performance test of swine from four breeds. *J. Anim. Sci.*, v. 80, p. 1470-1477, 2002.

KAUFMANN, D. et al. Genetic parameters for individual birth and weaning weight for litter size of Large White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, v. 117, p. 121-128, 2000.

LOPES, P.S.; FREITAS, R.T.F.; FERREIRA, A.S. *Melhoramento de suínos*. Viçosa, MG: Editora UFV, 39 p. (Caderno Didático, 37).

MOOD, A. M.; GRAYBILL, F. A., BOES, D. C. Tests of hypotheses. In:____. *Introduction to the theory of statistics*. Tokio: McGraw-Hill, 1974. p. 401-470.

MORRISON, D.F. *Multivariate statistical methods*. New York: McGraw-Hill, 1967. 388 p.

NASCIMENTO, J.D. Programa genético AGROCERES PIC. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. *Anais...* Belo Horizonte: UFMG, 2000. p. 121-123.

OLIVEIRA, C.A.L. et al. Heterogeneidade de Variâncias nos Grupos Genéticos Formadores da Raça Canchim. *Rev. bras. zootec.*, v. 30, n. 4, p. 1212-1219, 2001.

PIASSI, M. *Avaliação de do desempenho de linhagens de postura mantidas na Universidade Federal de Viçosa, em competição com marcas comerciais*. Viçosa, MG: UFV, 1994. 86 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PIASSI, M. et al. Estudo da divergência genética entre oito grupos genéticos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 24, p. 715-727, 1995.

PIRES, A.V. et al. Estudo da divergência genética entre seis linhas de aves Legorne utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, p. 314-319, 2002b.

PIRES, A.V. et al. Estudo da divergência genética entre as raças suínas Duroc, Landrace e Large White, utilizando técnicas de análise multivariada. *Arch. Lat. Prod. Anim.*, v. 10, p. 81-85, 2002a.

PIRES, A.V. et al. Estimação de parâmetros genéticos de características reprodutivas em suínos. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 29, p. 1698-1705, 2000.

PIRES, AV. *Avaliação genética de características reprodutivas em suínos*. Viçosa, MG: UFV, 1999. 83 f. (Dissertação Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PITA, F.V.C. *Modelos para avaliação genética e comparação de características de desempenho para a seleção de suínos*. Jaboticabal, UNESP, 2000. 157 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal.

PITA, F.V.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Comparação de diferentes modelos para avaliação genética de características de desempenho pós desmama de suínos. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 30, p. 1720-1727, 2001.

RAO, C.R. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390 p.

REGAZZI, A.J. *Análise multivariada*. Viçosa, MG: DPI/UFV, Departamento de Informática, 2002. (Notas de aula).

RODRÍ'GUEZ-ALMEIDA, F. A. L. D. et al. Heterogeneity of variance by sire breed, sex, and dam breed in 200- and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. *J. Anim. Sci.*, v. 73, p. 2579-2588, 1995.

SAKAGUTI, E.S. *Utilização de técnicas de análise multivariada na avaliação de cruzamentos dialélicos em coelhos*. Viçosa, MG: UFV, 1994. 170 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SANCEVERO, A.B. *Aspectos genéticos do desempenho produtivo e reprodutivo do suíno em cruzamentos dialélicos*. Viçosa, MG: UFV, 1988. 152 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SEE, M. T. Heterogeneity of (Co)variance among herds for backfat nmeasures of Swine. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 2568-2574, 1998.

SILVEIRA NETO, S. Análise fenética. In: ALVES, S.B. (Coord.), *Controle microbiano de insetos*. São Paulo: Manole, 1986. p. 384-407.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE – SAS. *User's guide: Statistics version 6. 4 ed.* Cary: SAS Institute Inc., 1998. 1686 p.

TORRES FILHO, R.A. *Avaliação genética de características de desempenho e reprodutivas em suínos*. Viçosa, MG: UFV, 2001. 79 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

TORRES FILHO, R.A. et al. Avaliação de modelos para estimação de componentes de (co)variância em características de desempenho e reprodutivas em suínos. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 33, p. 350-357, 2004.

TORRES FILHO, R.A. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas de suínos. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* v. 57, n.3, p 390-395, (2005a)

TORRES FILHO, R.A. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características de desempenho de suínos em fase de crescimento e terminação. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* (2005b) (prelo).

TORRES FILHO, R.A. et al. Estudo da divergência genética entre linhas de suínos utilizando técnicas de análise multivariada. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 57, n.3, p 390-395, 2005c.

TORRES FILHO, R.A. Estudo da divergência genética entre diferentes grupos genéticos de suínos. Capítulo 3 (2005d).

TORRES, R.A. *Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil*. Belo Horizonte, MG: UFMG, 1998. 124 f. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

UPNMOOR, I. *Influência de fatores genéticos e de ambiente sobre a produtividade de suínos mestiços Landrace e Large White*. Viçosa, MG: UFV, 1984. 180 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

Van VLECK, L. D. Prediction error variances for interbreed EPD. In: GENETIC PREDICTION WORKSHOP, 4., 1994, Kansas. *Proceedings...* Kansas City, MO, 1994.

Van VLECK, L.D. et al. *Genetic for the animal sciences*. New York, 1987. p. 391.

VIANA, C.F.A. et al. Estudo da divergência genética entre quatro linhagens de matrizes de frango de corte utilizando técnicas de análise multivariada. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 29, p. 1074-1081, 2000.