

MARCOS YAMAKI

**IMPACTO DA RESTRIÇÃO DE DADOS NA AVALIAÇÃO
GENÉTICA ANIMAL**

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
2009

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

MARCOS YAMAKI

**IMPACTO DA RESTRIÇÃO DE DADOS NA AVALIAÇÃO
GENÉTICA ANIMAL**

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: 15 de maio de 2009.

Prof. Paulo Luiz Souza Carneiro

Prof. Gustavo Henrique de Souza

Prof. Antônio Policarpo Souza Carneiro
(Co-orientador)

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Co-orientador)

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Orientador)

**A meus pais Shigekazu e Kazue Yamaki; minhas irmãs Karin e Tati;
meus tios Mário e Marina Otsuka (*in memoriam*) e aos meus amigos do
peito.**

Dedico este trabalho.

“Tu te tornas eternamente responsável por aquilo que cativas.”

Antoine de Saint-Exupéry

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em 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 Sadia S/A pela concessão do arquivo de dados, em especial, a Rodrigo José de Almeida Torres, por toda amizade, ensinamentos e me mostrar novos horizontes do melhoramento e produção animal.

Ao meu grande amigo e colega de trabalho, o especialista em Genética Quantitativa do programa de melhoramento de suínos, Marcelo Silva de Freitas, pela sua amizade e toda ajuda que me foram prestados que, sem a qual, não seria possível a realização deste trabalho.

Ao meu querido orientador Prof. Bajá, vulgo Ricardo Frederico Euclides, pela confiança, pela amizade e ensinar que todos os dias de nossas vidas devem ser vividos intensamente com humor e alegria.

Ao Prof. Robledo de Almeida Torres, pela confiança, amizade, ensinamentos por todos os anos que convivemos e trabalhamos juntos e, principalmente pela paciência, em momentos em que proporcionei vergonha pela falta de atenção e mesmo assim, sempre levou estas situações com humor e descontração.

Ao Prof. Paulo Sávio, pelos anos de persistência para me ensinar que o tipo de seleção utilizada no frango aos 42 dias de idade é a seleção individual ao invés de seleção de irmãos, e, que o valor do ganho genético da característica de espessura de toucinho deve ser diminuído na geração seguinte ao invés de ser somado.

A meus pais Shigekazu e Kazue Yamaki, por tudo que sou e que conquistei até hoje em minha vida.

A minhas irmãs Karin e Tati, pelo exemplo de disciplina e dedicação em tudo que realizaram na vida.

Aos meus tios Mário e Marina Otsuka (*in memoriam*), pelo exemplo de vida.

A minha querida Nana, que presenciou e acompanhou pacientemente o meu trabalho intensivo de elaboração deste trabalho.

Ao Bacana, vulgo Gilberto, estudante de doutorado em Genética e Melhoramento e, grande amigo do peito, por toda ajuda prestada principalmente ao final da minha jornada em Viçosa. Obrigado pelo apoio, incentivo amizade e os goles.

Ao amigo estudante de doutorado em Zootecnia, e integrante do “Quarteto Fantástico”, Rafael Bastos Teixeira, por me provar que todo o nosso esforço é válido mesmo quando os ventos parecem não soprar a nosso favor.

Que a nossa amizade seja tão duradoura quanto as nossas lembranças de trabalho e momentos de descontração, os humilhados serão exaltados!

Ao estudante de doutorado em Zootecnia, e também integrante do “Quarteto Fantástico”, André Luis da Costa Paiva, culpado pelo meu ingresso ao melhoramento animal, bendita hora em aceitei o convite de estagiar na GMAves. Obrigado pela amizade e por tudo que compartilhamos ao longo da graduação e pós-graduação.

A estudante de doutorado em Genética e Melhoramento, Priscila, pela ajuda essencial para inserir o número de páginas corretamente neste trabalho, um processo extremamente complexo, da qual muitos não foram capazes de resolver e muitos ainda sofrerão por isso.

Aos colegas e amigos do melhoramento animal, Carla, Mariele, Galego, Luciano, Jeferson, Luiz, Renata, Ana Lúcia, Luana, Lidiane, Débora, Cristina, Ana Paula, Katiene, Humberto, Marcos Lagrotta, Marcos Soares, Joãozinho, Kleibe, Alex, Luciara, Mário, Rodrigo, Mocarongo, Marcelo, Lindenberg, Policarpo, Gustavo, Rodolphinho, pela amizade, companheirismo e ensinamentos.

À turma de Zootecnia 2000 (desculpem por não colocar os nomes, eles iriam ocupar meia página do agradecimento, mas todos são igualmente queridos), turma boa de serviço e grande consumidora de bebidas alcoólicas, sucesso para nós e que a nossa amizade seja eterna.

Aos companheiros da Vaca Magra & Cia, Vinicius, Batata, Léo, Fabrício, Dudinho, Primo, Admílson, Henrique, Matheus, etc, pelo companheirismo nas horas difíceis e alegrias nas nossas festas.

A todos os colegas, amigos e funcionários do DZO, pelo apoio e convívio.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a minha formação e realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Marcos Yamaki, filho de Shigekazu Yamaki e Kazue Yamaki, natural de São Paulo, Estado de São Paulo, nasceu em oito de março de 1980.

Em março de 2000, iniciou o curso de Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, estado de Minas Gerais, onde foi bolsista de iniciação científica da FAPEMIG a partir de março de 2003, orientado pelo Prof. Robledo de Almeida Torres.

Em julho de 2004, graduou-se em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa.

Em agosto de 2004, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia, na área de Melhoramento Animal, na Universidade Federal de Viçosa, onde foi bolsista do CNPq e orientado pelo Prof. Robledo de Almeida Torres.

Em 31 de julho de 2006, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia.

Em outubro de 2006, iniciou o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, onde foi bolsista do CNPq e orientado pelo Prof. Ricardo Frederico Euclides (Bajá).

Em 14 de abril de 2008 foi contratado pela empresa Sadia S/A, para integrar a equipe de Genética do CIEX Agropecuário (Centro e Inovação e Excelência Agropecuário), sob supervisão do pesquisador Rodrigo José de Almeida Torres.

Em 15 de maio de 2009, submeteu-se ao Exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Genética e Melhoramento.

ÍNDICE

RESUMO	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Restrições do conjunto de dados	3
2.2. Uso de simulações na avaliação genética	6
2.3. Características de desempenho.....	8
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
3.1. Restrições no conjunto de dados	14
3.2. Populações reais	14
3.3. Populações simuladas.....	15
3.4. Análises.....	17
3.5. Índice de seleção.....	19
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
5. CONCLUSÕES	41
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42

RESUMO

YAMAKI, Marcos, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, maio de 2009. **Impacto da restrição de dados na avaliação genética animal**. Orientador: Ricardo Frederico Euclides. Co-orientadores: Robledo de Almeida Torres e Antonio Policarpo Souza Carneiro.

Populações simuladas foram geradas a partir de informações de uma população A, composta por 59.028 animais da raça Landrace, e de uma população B, composta por 17.116 animais da raça Pietrain, com o objetivo de avaliar o impacto de diferentes estratégias de restrição de dados em avaliações genéticas de populações simuladas e reais. As populações simuladas foram geradas a partir do pedigree das populações reais e das médias fenotípicas das características idade aos 100 kg de peso vivo, espessura de toucinho aos 100 kg de peso vivo e conversão alimentar, de suas respectivas populações assumindo (co)variâncias genéticas aditivas e residuais conhecidas para as características. Foram avaliadas, nas populações simuladas e nas reais, duas situações, em três diferentes estratégias de restrição de dados comumente utilizadas em avaliações genéticas de animais. As restrições estudadas foram: número de gerações consideradas na análise, considerando as últimas seis e três gerações das populações, número mínimo de filhos por macho, considerando pais com pelo menos dez e 50 filhos e número mínimo de observações permitidas por nível de efeito fixo de grupo contemporâneo, considerando pelo menos seis e três observações por nível de GC. Foram obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância das populações simuladas, em cada situação de restrição, e comportamentos da alteração de estimativas de parâmetros e valores genéticos foram comparados com as respectivas populações reais. Para avaliar as

alterações, foram criados índices de seleção para cada sexo de cada população (A e B). As médias de valores genéticos estimados do grupo de animais selecionados, utilizando o banco de dados completo, foram comparadas às médias obtidas nos diversos cenários descritos em cada tipo de restrição para as populações simuladas e reais. A média dos animais selecionados após as restrições foi resgatada da análise das respectivas populações utilizando o banco de dados completo. Maiores variações nas estimativas de herdabilidade, e conseqüentemente nos valores genéticos, foram observadas na restrição considerando as últimas três gerações, tanto na população simulada B quanto na A e também verificou-se o mesmo comportamento nas populações reais. Além desta, a restrição de machos com pelo menos 50 filhos foi a que causou as maiores alterações depois desta nas populações B. A restrição do arquivo de dados a três gerações é extremamente em estudos de avaliação genética, tanto na população A quanto B, por causar grandes alterações nas estimativas dos valores genéticos e comprometendo as avaliações.

ABSTRACT

YAMAKI, Marcos, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, May, 2009. **Impact of data restriction on animal genetic evaluation.** Adviser: Ricardo Frederico Euclides. Co-advisers: Robledo de Almeida Torres and Antonio Policarpo Souza Carneiro.

Populations were simulated by information from a population A, with 59.028 Landrace swines, and a population B, 17.116 Pietrain swines, aiming to evaluate the impact of restrictions strategies on genetic evaluation of simulated and real populations. Simulated populations were generated by the pedigree and phenotypic means for age to reach 100 kg live weight, back fat thickness at 100 kg of live weight and feed conversion ratio, of their respective populations. On both type of populations, simulated and real, two situations were evaluated on three different restrictions, commonly used on animal genetic evaluations. The studied restrictions were: number of generations considered on the analysis, considering the last six and three generations of the populations, minimum offspring by boars, considering males with at least ten and 50 offspring and minimum observations considered on levels of fixed effect of contemporary group, considering at least six and three observations by level. Expected breeding values (EBV) from group of the selected animals, obtained by using complete data set, were compared to the EBV's obtained on the various scenarios described on each type of restriction for simulated and real populations. The EBV's of selected animals after restrictions were rescued from analysis of respective populations using the entire data set. Greater variations on heritabilities, and consequently on EBV's, were observed that restriction that considered the last three generations on both populations, A and B, and this

behavior was also observed on the real populations. The analysis restricting boars with less than 50 offspring caused the second bigger variation on B populations. The restriction of dataset to three generations is not indicated for genetic evaluations, on big and small populations, for causing huge variations on EBV's and compromising the evaluations.

1. INTRODUÇÃO

Com a demanda de animais geneticamente superiores para suprir um mercado cada vez mais exigente, há uma necessidade de identificação e seleção de tais indivíduos. Isso é possível por meio de programas de melhoramento, bem delineados, com avaliações genéticas constantes. Trata-se de um processo dispendioso com ganhos pequenos lentos, entretanto, os benefícios proporcionados são permanentes nas populações em que os indivíduos selecionados são inseridos.

Um programa de melhoramento eficiente é aquele capaz de obter um material genético altamente produtivo a um baixo custo, baseado na utilização de estratégias adequadas de avaliação das populações de animais. E, para o conhecimento do potencial genético de uma população, é preciso estimar os valores genéticos dos animais que a compõem, para classificar os melhores indivíduos, que serão os pais da geração seguinte, e quantificar a contribuição destes para o ganho genético. Assim, as estratégias de avaliação devem garantir a estimação acurada dos parâmetros genéticos das populações sob avaliação.

A acurácia dos estimadores de parâmetros genéticos é dependente de uma série de fatores, entre eles, o método de estimação empregado, sendo mais amplamente utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (*Restricted Maximum Likelihood*), desenvolvido por PATTERSON e THOMPSON (1971), e, o modelo utilizado, devendo-se verificar qual o mais apropriado de

acordo com a(s) característica(s) e situação em estudo. Outro fator preponderante trata-se de restrições prévias às análises.

As restrições às informações da população em estudo seja ela para dar consistência ao arquivo de dados, ou para considerar apenas o pedigree que o pesquisador julga mais relevante para a avaliação, podem prejudicar seriamente as estimativas dos parâmetros genéticos, caso não feitas com critério. Estudos de avaliação genética freqüentemente aplicam restrições aos arquivos de dados sem que se tenha consciência no impacto das estimativas. Como exemplo destas restrições pode-se citar o número de gerações consideradas na análise, número mínimo de observações por variável classificatória e número mínimo de filhos por macho.

Uma vez que não se têm em mãos os parâmetros genéticos reais de uma população real, torna-se difícil a quantificação do real impacto de tais restrições na variação valores genéticos dos indivíduos. Uma saída para isso seria o uso de populações simuladas a partir de um pedigree real com parâmetros determinados, verificar alterações causadas pelas restrições e comparar estes comportamentos na população real.

Neste estudo, objetivou-se avaliar o impacto de diferentes estratégias de restrição de dados em avaliações genéticas de populações simuladas e reais pela comparação das estimativas dos componentes de (co)variância e os valores genéticos preditos dos indivíduos selecionados, em diversos cenários de restrição.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Restrições do conjunto de dados

A restrição de dados é uma prática comum realizada em estudos de avaliação genética, com intuito de retirar informações e indivíduos que venham a contribuir muito pouco ou nada para a avaliação. Entretanto, o uso demasiado desta prática pode acarretar em um efeito contrário do seu propósito, comprometendo a estimação dos valores genéticos dos indivíduos e conseqüentemente prejudicando a seleção de animais superiores à média da população.

Em muitas situações, restrições são aplicadas ao banco de dados sem a preocupação de evitar cortes drásticos das informações. O problema se agrava quando os dados possuem poucas informações e/ou está estruturado em informações de um pedigree relativamente pequeno.

As restrições podem ocorrer de várias formas, como por exemplo; restrição do número de gerações envolvidas na análise, número mínimo de observações por classe de efeito fixo, número mínimo de filhos por reprodutor, desvios-padrão acima e/ou abaixo da média da característica na população, entre outros. Frequentemente, são observadas a associação de duas ou mais restrições.

VARGAS *et al.*(2006), estimando parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle e em 305 dias para primeiras lactações de vacas da raça Holandesa, excluíram touros com menos de três filhas e grupos contemporâneos com menos de 5 observações, além de outras restrições, reduzindo o arquivo de dados de 373.795 registros de controle leiteiro a apenas 39.578 controles com um de 7.555 animais após as restrições.

ALBUQUERQUE e EL FARO (2008), comparando valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore, preditos com modelos de dimensão finita ou infinita, em que restringiram o arquivo de pedigree a três gerações para avaliar 3.016 animais, filhos de apenas 95 touros. Além desta restrição, foram mantidos apenas animais com registros de pelo menos três observações que não extrapolaram \pm três desvios-padrão e também considerados apenas grupos contemporâneos com pelo menos quatro animais.

HERRERA *et al.*(2008), estimando parâmetros genéticos para produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória, também fazem uso da restrição do pedigree à três gerações, além de restringir classes de grupo contemporâneo com menos de três observações. O arquivo de pedigree considerado continha apenas 7.582 animais, sendo 461 touros. Os mesmos autores utilizaram o mesmo banco de dados estas restrições para estimar parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e para produção de leite até 305 dias nas primeiras lactações.

IWAISAKI *et al.*(2005), estimando parâmetros genéticos de gado da raça Gelbvieh por modelos multi-característica e de regressão aleatória com uma função linear spline, e TSURUTA *et al.*(2005), estimando parâmetros genéticos

para produção de leite do rebanho de gado holandês dos EUA, restringiram o arquivo de pedigree a três gerações.

SARMENTO *et al.*(2005), comparando modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros, reduziu o arquivo de 17.482 registros de lactação a 9.374 após serem da análise, animais com produções superiores ou inferiores a três desvios-padrão da média da semana da lactação – produções que ocorreram em grupos contemporâneos com menos de cinco cabras e lactações com menos de seis controles. BREDA *et al.*(2006), realizaram as mesmas restrições para estimar parâmetros genéticos para produção de leite de cabras da raça Alpina.

No estudo de ANDREAZZA *et al.*(2008), estimando Parâmetros genéticos e eficiência relativa de seleção para a produção de leite no dia do controle para vacas da raça Holandesa, foram eliminados os grupos de contemporâneos com menos de cinco observações os rebanhos com menos de 100 lactações no período, os touros com menos de três filhas, as vacas com idade ao parto inferior a 24 meses e superior a 48 meses, os intervalos parto primeiro controle superiores a 65 dias e inferiores a cinco dias e PL305 superiores a 13.000kg e inferiores a 6.500kg. Quando o animal possuía mais de um controle no mesmo intervalo, foi considerado o primeiro, eliminando-se o segundo.

BOLIGON *et al.*(2008), estudando associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore, utilizou informações de 14.918 animais da raça Nelore, filhos de 811 touros e 9.527 vacas e manteve no mínimo cinco animais em cada grupo de contemporâneo. ARANGO *et al.*(2005), estimando parâmetros genéticos para características reprodutivas e de

desempenho em suínos Large White, também manteve no mínimo cinco animais em cada grupo de contemporâneo.

WOLF *et al.*(2005), estimando parâmetros genéticos para avaliação genética conjunta de características reprodutivas e de desempenho, em fêmeas Landrace da República Tcheca, realizaram a exclusão de 10% dos registros de reprodução após sete diferentes tipos de restrição, entre eles, várias restrições envolvendo número mínimo de observações por animal.

2.2. Uso de simulações na avaliação genética

Os impactos causados por restrições no banco de dados são difíceis de serem quantificados, uma vez que não se dispõe o real valor dos parâmetros genéticos, nem dos valores genéticos dos indivíduos de uma população. Outro problema é que a maioria dos dados disponíveis aos melhoristas da espécie animal não apresenta os requerimentos de amostragem aleatória, ou seja, os dados são provenientes de experimentos de seleção ou de rebanhos que estão sob seleção (HENDERSON, 1973; MEYER & THOMPSON, 1984; GIANOLA *et al.*, 1988).

Como consequência destes problemas, as esperanças, as variâncias e as (co)variâncias entre as observações e os valores genéticos são alteradas (HENDERSON, 1982, 1985), o que resulta em estimativas e predições viesadas. Além disso, dados de campo apresentam número desigual de observações por subclasse, muitas subclasses vazias e problemas de conectividade. Em populações de bovinos de corte, ovinos e suínos, em que a inseminação artificial é pouco utilizada, rebanhos ou grupos de animais contemporâneos podem estar

isolados geneticamente ou pobremente conectados, (BRACCINI NETO *et al.*, 2004).

HENDERSON (1975) sugeriu a comparação de metodologias por meio de simulação no caso em que os métodos analíticos envolviam manipulações matemáticas difíceis. A vantagem do uso de dados simulados é a comparação de estimativas obtidas com o real valor dos componentes genéticos. Nessa linha vários trabalhos são encontrados.

POLLAK e QUAAS (1981) usaram simulação para avaliar o efeito de uso de dados pré-selecionados sobre a variância do erro de predição.

MISZTAL *et al.*(1987), utilizou dados simulados para um estudo da taxa de convergência de um método iterativo misto de Gauss-Seidel e Jacobi de segunda ordem.

KIRKPATRICK e MEYER (2004) Avaliaram a estimação direta de componentes principais genéticos com o uso de dados simulados.

BOHMANOVA *et al.*(2005), em um estudo de modelos multi-característica e de regressão aleatória para avaliação genética de gado de corte para crescimento, fez uso de dados simulados para comparar a acurácia destes dois modelos.

CARNEIRO *et al.*(2006), Avaliaram erros na classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente superiores avaliados na presença de heterogeneidade, simulando quatro estruturas de dados com diferentes padrões de heterogeneidade entre rebanhos e com diferentes graus de conectividade genética.

ASSIS *et al.*(2007), avaliaram a estimação de componentes de variância sob influência de genes de efeito principal, comparando-se metodologias Bayesiana e clássica sob diferentes cenários em populações simuladas.

MEYER e KIRKPATRICK (2008), utilizam dados simulados para testar estimativas de rank reduzidos de matrizes de (co)variâncias genéticas.

2.3. Características de desempenho

A escolha das características a serem avaliadas é um fundamental para o estabelecimento de estratégias para obtenção eficiente do maior ganho genético. Deve-se considerar a importância econômica da característica, a variabilidade genética, a facilidade de mensuração e o impacto dessa característica na produção animal, bem como as associações existentes entre elas.

As características de desempenho são relacionadas, diretamente, com o desempenho do próprio indivíduo. Podem-se destacar a conversão alimentar, a idade para atingir determinado peso vivo, a espessura de toucinho e o ganho de peso em determinado intervalo de tempo.

A conversão alimentar, do ponto de vista econômico, requer especial atenção, pois a alimentação representa considerável parte do custo total de produção animal. Apesar do custo elevado de sua mensuração, uma vez que os animais precisam ser criados em baias individuais e o fornecimento de ração deve ser anotado, referências encontradas justificam o custo de mensuração, visto que o ganho genético obtido nessa característica é compensador.

A conversão alimentar de suínos produzidos para o abate ainda deixa a desejar, especialmente se comparada à conversão alimentar de frangos de corte (menos de 2 kg de ração para produção de 1 kg de ganho, do nascimento aos

42 dias de idade). Em virtude da sua grande importância econômica, diversos programas de seleção buscam melhorar a eficiência alimentar. No Brasil, testes de desempenhos de machos inteiros, alimentados com ração à vontade, dos 25-30 aos 100 kg de peso vivo, têm revelado animais que necessitam, em média, de 2,0 kg ou até menos de ração para ganhar 1 kg de peso vivo e apresentarem 10 mm de espessura de toucinho. A seleção contínua para melhora da eficiência alimentar e o emprego de machos geneticamente superiores indicam que, em breve, os suínos não necessitarão consumir mais do que 200 kg de ração, do nascimento ao abate, para produzir 70 kg de carcaça e mais de 40 kg de carne para consumo humano (IRGANG, 1998).

CRUMP *et al.* (1997), avaliando parâmetros genéticos para características de desempenho de machos e fêmeas Landrace de um rebanho-núcleo comercial, estimaram herdabilidade para conversão alimentar de 0,18 a 0,27. Resultados similares são observados no estudo de DUCOS *et al.* (1993), de 0,22 e 0,25, estimando parâmetros genéticos para crescimento, carcaça e qualidade de carne em suínos Large White e Landrace da França.

No estudo de HOQUE *et al.* (2007), para estimar parâmetros genéticos para medidas de eficiência alimentar de machos Duroc, também foi obtida herdabilidade de 0,27 para conversão alimentar.

TORRES JUNIOR (1996) avaliando a eficiência das informações de diferentes grupos contemporâneos na avaliação genética de suínos, obteve estimativas maiores para conversão, de 0,34 e 0,40 para a raça Landrace e Large White, respectivamente.

Quanto menor o intervalo de tempo necessário para o animal atingir o peso de abate, maior será a oportunidade de maximizar a eficiência de utilização

da infra-estrutura relacionada com o sistema de produção. Assim, a idade com que os animais atingem o peso de abate são medidas importantes na avaliação do desempenho destes.

PITA e ALBUQUERQUE (2001) avaliando a resposta à seleção para características de desempenho em um rebanho de seleção de suínos da raça Landrace, Large White e Pietrain, estimaram respostas à seleção para as características de desempenho ganho de peso médio diário, idade e número de dias de permanência no teste (ND95), necessários para atingir 95 kg de peso vivo as estimativas de herdabilidade para ND95 variaram de 0,24 a 0,27. JANSS *et al.* (1997a) utilizando um modelo poligênico em um estudo com suínos compostos de cruzamento entre linhagens holandesas e a raça Meishan utilizando inferência bayesiana, obtiveram herdabilidade de 0,35 para a mesma característica.

CHEN *et al.* (2002) avaliando parâmetros genéticos e tendências para taxa de crescimento magro e em suínos nos EUA da raça Yorkshire, Duroc, Hampshire, e Landrace, estimaram herdabilidade para idade para atingir 113,5 kg e obteve estimativas 0,38 e 0,40 para Landrace.

BARBOSA *et al.* (2008) estimando parâmetros genéticos em suínos da raça Large White, usando Amostrador de Gibbs, obteve herdabilidade de 0,33 para idade aos 100kg de peso vivo. As estimativas encontradas por TORRES FILHO *et al.* (2005) foram menores e variaram de 0,13 a 0,20 para a mesma característica, avaliando desempenho de suínos da mesma raça. LI e KENNEDY (1994) de 0,30 para a raça Landrace avaliando quatro diferentes raças,

A deposição de gordura também possui importância na avaliação genética de suínos. A espessura de toucinho é um indicador da quantidade de gordura

acumulada e pode ser obtida do animal vivo e de diferentes locais do corpo do animal.

ALMEIDA NETO *et al.* (1993) observaram que a espessura de toucinho, medida a 6,5 cm da linha do dorso do animal, mostrou-se uma boa medida para predizer a quantidade de carne na carcaça, tendo em vista a sua alta correlação com o rendimento de pernil.

COBUCI *et al.* (2002) estimando parâmetros genéticos por inferência bayesiana em suínos da raça Landrace, encontrou um valor para herdabilidade de 0,33 para espessura de toucinho. Valores similares também foram observados por ARANGO *et al.* (2005) com o valor de 0,31 avaliando parâmetros genéticos em suínos Large White, COSTA *et al.* (2001) com o valor de 0,34 para a raça Duroc, JOHNSON *et al.* (2002) de 0,31 para a raça Hampshire e LUTAAYA *et al.* (2001), de 0,29 para um composto de um cruzamento entre Landrace e Large White. JANSSE *et al.* (1997a) também apresentaram um valor similar para espessura de toucinho de 0,29 .

BARBOSA *et al.* (2008) obteve valores herdabilidade de 0,44 para espessura de toucinho, e encontra-se dentro da amplitude observada na avaliação de CHIMONYO e DZAMA (2007) de 0,40 a 0,64 estudando parâmetros genéticos em suínos da raça Mukota. Também se observam magnitudes próximas nos estudos de CHEN *et al.* (2002) com valores de 0,48 a 0,49, COSTA *et al.* (2001) de 0,50 na raça Landrace, JOHNSON *et al.* (2002) de 0,63 para a raça Landrace e 0,65 para a raça Yorkshire, LI e KENNEDY (1994) de 0,53, LUTAAYA *et al.* (2001) de 0,52 na raça Landrace e 0,35 na raça Large White, SUZUKI *et al.* (2005) de 0,72 avaliando parâmetros genéticos de suínos

da raça Duroc no Japão e TORRES FILHO *et al.* (2005) de 0,46 a 0,55, avaliando suínos da raça Landrace.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas estratégias de restrição de dados comumente utilizadas em avaliações genéticas, comparando-se as estimativas de componentes de variância e ganhos genéticos de animais de duas populações de suínos para as características idade aos 100 kg de peso vivo, espessura de toucinho aos 100 kg de peso vivo e conversão alimentar. Foram avaliadas uma população A e uma B em três diferentes situações de restrição dos dados: quanto ao número de gerações, machos com número mínimo de filhos e classes de efeito fixo de grupo contemporâneo (GC) com número mínimo de observações.

Para o estudo do real comportamento das estimativas dos componentes de variância frente às restrições impostas nos dados, é preciso ter conhecimento dos valores reais dos componentes de variância. Para isso foram geradas populações simuladas a partir dos pedigrees e médias fenotípicas das duas populações reais considerando (co)variâncias genéticas aditivas e residuais conhecidas.

A avaliação das restrições nas populações reais e simuladas foi composta de duas etapas. Na primeira foram feitas as restrições nas populações simuladas e verificados os impactos nas estimativas dos componentes de variância e nos ganhos genéticos dos indivíduos selecionados por índices de seleção propostos

para cada população. Na segunda etapa, as mesmas restrições foram aplicadas nos dados reais para verificar se o comportamento seria similar aos resultados obtidos com as populações simuladas.

3.1. Restrições no conjunto de dados

Foram realizadas três formas de restrição dos dados das populações reais e simuladas, e para cada uma delas foram avaliados dois diferentes cenários, descritos a seguir.

- a. Número de gerações consideradas na análise, com uma análise considerando animais das últimas seis gerações e outra considerando as últimas três gerações;
- b. Machos com número mínimo de filhos, com uma análise considerando machos com pelo menos 10 filhos e outra considerando pelo menos 50 filhos;
- c. Classes de GC com número mínimo de observações, com uma análise considerando classes com pelo menos três observações e outra com pelo menos seis observações.

3.2. Populações reais

Os dados das populações reais utilizados neste estudo são provenientes de duas linhagens localizadas em granjas no oeste do estado de Santa Catarina. O banco de dados continha um pedigree de animais nascidos de janeiro de 1999 a agosto de 2008 e informações de idade aos 100 kg de peso vivo, espessura de toucinho aos 100 kg peso vivo e conversão alimentar.

Nas análises foi considerado um efeito fixo de GC, formado pela combinação de linha, sexo, núcleo, ano e semana de nascimento dos animais.

A população A era composta por suínos da raça Landrace, possuía 59.028 animais, compondo nove gerações e 1.023 classes de grupo contemporâneo. A população B era composta por suínos da raça Pietrain, com 17.116 animais compondo dez gerações e 1.388 classes de grupo contemporâneo. Ao nascimento, os leitões foram submetidos ao corte de dentes, mossagem, pesagem e aplicação de ferro dextrano. Foi realizada equalização de leitegada por número e classe de peso (três classes) entre as leitegadas de porcas que pariram na mesma semana. Até a desmama, que ocorre por volta dos 21 dias, uma segunda equalização é realizada.

Os animais foram mantidos na recria até 11^a semana de idade e partir desta, os machos foram criados em baias individuais, e as fêmeas, em baias coletivas de 10 animais. O peso vivo e a espessura de toucinho foram medidos na idade em que os animais terminaram o teste de desempenho, e a conversão alimentar foi mensurada apenas nos machos neste mesmo período.

3.3. Populações simuladas

As populações simuladas foram geradas a partir do pedigree das populações reais e das médias fenotípicas das características de suas respectivas populações assumindo (co)variâncias genéticas aditivas e residuais conhecidas, apresentadas a seguir;

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{aID}^2 & \sigma_{ID,ET} & \sigma_{ID,CA} \\ & \sigma_{aET}^2 & \sigma_{ET,CA} \\ \textit{simétrica} & & \sigma_{aCA}^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 53,000 & 0,000 & 0,160 \\ & 0,390 & 0,028 \\ \textit{simétrica} & & 0,008 \end{bmatrix};$$

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{eID}^2 & \sigma_{ID,ET} & \sigma_{ID,CA} \\ & \sigma_{eET}^2 & \sigma_{ET,CA} \\ \text{simétrica} & & \sigma_{eCA}^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 73,648 & 0,000 & 0,419 \\ & 0,991 & 0,028 \\ \text{simétrica} & & 0,014 \end{bmatrix};$$

em que:

G_0 = Matriz de (co)variâncias genéticas aditivas diretas;

R_0 = Matriz de (co)variâncias residuais.

Assumindo uma distribuição normal multivariada, o vetor de observações fenotípicas y foi dado por:

$$p(y|b, u, R_0) \sim N(b + Zu, I \otimes R_0);$$

em que:

X = Matriz de incidência de efeitos fixos;

b = Vetor de soluções de efeitos fixos;

Z = Matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos;

u = Vetor de valores genéticos de cada animal i para cada característica t ;

I = Matriz identidade; e

\otimes = Operador produto direto.

Para simular o valor genético do animal i para cada t características, foi utilizada a seguinte probabilidade condicional:

$$\text{seja } u = (u_1, u_2, \dots, u_t)$$

$$p(u|A, G_0) = p(u_1, u_2, \dots, u_t|A, G_0)$$

$$= p(u_1|A, g_{11}) \cdot p(u_2|u_1, A, G_2) \cdot p(u_3|u_1, u_2, A, G_3) \cdot \dots \cdot p(u_t|u_1, u_2, \dots, u_{t-1}, A, G_0)$$

Para simular o componente residual do animal i para cada t características, foi utilizada a seguinte probabilidade condicional:

$$\begin{aligned}
p\left(\tilde{e}_i | R_0\right) &= p\left(\tilde{e}_1, e_2, \dots, e_t | R_0\right) \\
&= p\left(\tilde{e}_1 | r_{11}\right) p\left(\tilde{e}_2 | e_1, R_2\right) p\left(\tilde{e}_3 | e_1, e_2, R_3\right) \dots p\left(e_t | e_1, e_2, \dots, e_{t-1}, R_0\right)
\end{aligned}$$

Para as restrições de número de gerações e machos com número mínimo de filhos, as populações foram geradas assumindo que já foram ajustadas para o efeito fixo de GC. Apenas para a restrição de classes de GC, com número mínimo de observações, foram criadas populações com classes de GC assumindo as seguintes distribuições:

- a) Distribuição Normal $N \sim \left(0, \frac{2\mu_t}{100}\right)$ para gerar os efeitos de cada classe de GC, em que μ_t é média fenotípica da característica t ; e
- b) Distribuição Uniforme $U \sim \left(n\right)$ para gerar a distribuição de observações por classe sendo n o número de classes de GC.

A observação de cada animal i para cada característica t é dada pelo somatório da média fenotípica da característica t , do efeito da classe correspondente ao animal i , do valor genético do animal i na característica t e o resíduo e_i para cada característica t .

3.4. Análises

As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidos pelo programa REMLF90 (MISZTAL, 2002) que utiliza a maximização da esperança da função de máxima verossimilhança restrita (EMREML). O critério de convergência utilizado, definido pelo quadrado médio das diferenças entre soluções consecutivas, foi de 1×10^{-11} . As herdabilidades e os valores genéticos preditos foram obtidos a partir destes componentes de variância, utilizando o modelo animal.

Os modelos utilizados para as análises são apresentados na seqüência:

Modelo utilizado nas análises das populações simuladas, para avaliação da restrição com número de gerações e de restrição machos com número mínimo de filhos;

$$\tilde{y} = Z\tilde{u} + \tilde{e};$$

\tilde{y} = Vetor de observações;

Z = Matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos;

\tilde{u} = Vetor de efeitos genéticos aditivos diretos;

\tilde{e} = Vetor de efeitos residuais.

Modelo utilizado para as análises envolvendo as populações reais e simuladas, para avaliar as situações de restrição de número mínimo de observações por classe de grupo contemporâneo;

$$\tilde{y} = X\tilde{b} + Z\tilde{u} + \tilde{e};$$

em que:

\tilde{y} = Vetor de observações;

X = Matriz de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

\tilde{b} = Vetor de efeitos fixos;

Z = Matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos;

\tilde{u} = Vetor de efeitos genéticos aditivos diretos;

\tilde{e} = Vetor de efeito residual.

3.5. Índice de seleção

Para avaliar as alterações dos valores genéticos, considerando as estimativas de componentes de variância obtidas, foram criados índices de seleção para cada sexo de cada população (A e B), e considerada uma proporção de selecionados de 3% e 15% para machos e fêmeas, respectivamente.

Foram estimados valores genéticos a partir da base de dados obtida em cada restrição e os indivíduos foram classificados segundo seus respectivos índices de seleção e, para a comparação da alteração da média dos valores genéticos da proporção dos indivíduos selecionados, foram utilizados apenas os valores preditos na situação em que não foi realizada nenhuma restrição nos dados.

Após a classificação dos indivíduos em cada situação de restrição, os valores genéticos destes foram resgatados da análise de dados sem restrições. A partir daí, calculou-se novamente a média dos valores genéticos da proporção dos animais selecionados.

Foram considerados os respectivos índices de seleção para machos e fêmeas:

➤ População A

$$IND_{(MACHOS)} = 100 + \left(\left(\frac{VG_{ID}}{\sigma_{VG_{ID}}} \right) * \text{€ } 32 \right) + \left(\left(\frac{VG_{ET}}{\sigma_{VG_{ET}}} \right) * \text{€ } 21 \right) + \left(\left(\frac{VG_{CA}}{\sigma_{VG_{CA}}} \right) * \text{€ } 47 \right);$$

$$IND_{(FEMEAS)} = 100 + \left(\left(\frac{VG_{ID}}{\sigma_{VG_{ID}}} \right) * \text{€ } 35 \right) + \left(\left(\frac{VG_{ET}}{\sigma_{VG_{ET}}} \right) * \text{€ } 20 \right) + \left(\left(\frac{VG_{CA}}{\sigma_{VG_{CA}}} \right) * \text{€ } 45 \right);$$

➤ População B

$$IND_{(MACHOS)} = 100 + \left(\left(\frac{VG_{ID}}{\sigma_{VG_{ID}}} \right) * \text{€} 35 \right) + \left(\left(\frac{VG_{ET}}{\sigma_{VG_{ET}}} \right) * \text{€} 15 \right) + \left(\left(\frac{VG_{CA}}{\sigma_{VG_{CA}}} \right) * \text{€} 50 \right);$$

$$IND_{(FEMEAS)} = 100 + \left(\left(\frac{VG_{ID}}{\sigma_{VG_{ID}}} \right) * \text{€} 35 \right) + \left(\left(\frac{VG_{ET}}{\sigma_{VG_{ET}}} \right) * \text{€} 15 \right) + \left(\left(\frac{VG_{CA}}{\sigma_{VG_{CA}}} \right) * \text{€} 50 \right);$$

Em que:

- VG_{ID} , VG_{ET} e VG_{CA} : é o valor genético para idade aos 100 kg de peso vivo, espessura de toucinho para 100 kg peso vivo e conversão alimentar, respectivamente;
- $\sigma_{VG_{ID}}$, $\sigma_{VG_{ET}}$ e $\sigma_{VG_{CA}}$: são os desvios-padrão dos valores genéticos para idade aos 100 kg de peso vivo, espessura de toucinho para 100 kg peso vivo e conversão alimentar, respectivamente para cada sexo dentro de cada população. Esses desvios-padrão são utilizados no denominador de cada valor genético para retirar o efeito de amplitude das características e evitar que aquelas com maiores amplitudes tenham efeitos maiores que o esperado pelo peso considerado no índice para cada uma delas.

A diferença entre as médias dos valores genéticos foi considerada significativa se o valor da diferença impactou nos objetivos de ganho genético anual determinados a seguir para cada característica:

Tabela 1 - Objetivos de ganho genético anual para as características avaliadas

Parâmetro	Ganho genético
Idade aos 100 kg de peso vivo (dias)	-2,5 dias
Espessura de toucinho aos 100 kg de peso vivo (mm)	-0,10 mm
Conversão alimentar (kg consumo / kg peso vivo)	-0,023

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A população A continha um total de 59.106 animais no arquivo de pedigree e a B um total de 17.116. A descrição das populações reais é apresentada na tabela 2. As respectivas populações foram simuladas com os mesmos parâmetros apresentados na Tabela 2:

Tabela 2 – Descrição dos parâmetros das populações reais.

	N¹	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
População A					
Idade aos 100 Kg de peso vivo	59.028	138,1	10,0	105,0	178,0
Espessura de toucinho (mm)	59.028	8,42	1,27	2,00	15,60
Conversão alimentar	16.360	2,072	0,161	1,600	2,91
População B					
Idade aos 100 Kg de peso vivo	16.975	161,8	14,7	115,0	208,0
Espessura de toucinho (mm)	16.975	9,16	1,16	4,60	15,20
Conversão alimentar	7.083	2,238	0,248	1,610	3,38

¹ N - Número de observações.

Na tabela a seguir estão descritos o número de níveis de efeitos fixos de GC das populações reais e simuladas para o estudo de restrição por número mínimo de observações por nível de GC.

Tabela 3 – Número de grupos contemporâneos (GC) e de observações totais nas populações reais e simuladas.

	Número de GC	Número de observações
População A		
Real	1.023	59.028
Simulada	6.000	59.028
População B		
Real	1.388	16.975
Simulada	2.000	16.975

Nas populações simuladas para o estudo de restrição por número mínimo de observações por nível de GC foi preciso simular um número de níveis de GC superior ao observado nas populações reais, sendo 2.000 e 6.000 classes de GC para a população B e A, respectivamente. Isso foi feito para que a amplitude do número de observações geradas por classe fosse próxima do observado nas populações reais.

As restrições quanto ao número de gerações e aos machos com número mínimo de filhos se aplicam ao número de animais e suas respectivas observações consideradas na análise. Conseqüentemente, as populações simuladas sofreram a mesma redução de informações por terem sido geradas a partir do pedigree das respectivas populações reais.

Na tabela 4 são apresentados número de animais das populações reais antes e após as restrições nos arquivos de pedigree.

Tabela 4 – Alterações no número de animais nas populações, A e B, após as restrições impostas.

	Sem Restrição	Restrições ¹			
		6G	3G	10F	50F
População A	59.106	52.884	32.067	59.060	57.598
População B	17.116	13.045	4.526	16.907	13.257

¹ 6G – Últimas seis gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B; 3G – Últimas três gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B.; 10F – Machos com pelo menos dez filhos; 50F – Machos com pelo menos 50 filhos.

As situações de restrição quanto ao número de gerações foram mais radicais na redução de informações do arquivo pedigree do que as realizadas na restrição por machos com número mínimo de filhos. Quando foram consideradas apenas as últimas três gerações (3G) houve uma redução de 45,7% e 73,6% da informação do pedigree da população A e B, respectivamente, enquanto a restrição mais drástica de número de filhos reduziu 2,6% dos dados da A e 22,5% da B.

Para o estudo da restrição para classes de GC com número mínimo de observações, as populações simuladas não reproduziram os mesmos níveis de GC de suas respectivas populações reais devido a restrições na simulação dos dados. Os níveis de efeitos fixos e o número total de observações em cada situação de restrição são apresentados na Tabela 5.

Tabela 5 – Número de grupos contemporâneos e de observações antes e após as restrições nos dados.

	Sem Restrição	3OBS¹	6OBS²
População A			
Real	1.023 (59.028)	1.005 (58.993)	983 (58.885)
Simulada	6.000 (59.028)	5.933 (58.859)	5.162 (54.738)
População B			
Real	1.388 (16.975)	1.244 (16.676)	1.019 (15.531)
Simulada	2.000 (16.975)	1.936 (16.811)	1.499 (14.505)

¹ 3OBS – Classes com menos de três observações excluídas das análises ; ² 6OBS– Classes com menos de seis observações excluídas das análises.

As populações B sofreram reduções relativamente baixas após as restrições. Ocorreram reduções menores que 1% em todas as situações, com exceção da restrição de classes de GC menores que seis observações (6OBS), com uma redução de 7,3% do arquivo de dados.

A redução do arquivo de dados nas populações B também foram relativamente baixas, quando se restringiu classes de GC menores que três observações (3OBS), de 1% e 1,8% para a população simulada e real, respectivamente. Já a restrição 6OBS, foi a situação em que foram observadas as maiores reduções, de 12,6% e 8,5% para a população simulada e real, respectivamente.

Na tabela 6 são apresentados os números de machos, fêmeas e respectivas proporções nas populações A e B após as restrições por número de gerações e número de filhos por macho.

Tabela 6 - Número de machos e fêmeas e suas proporções (%) após cada restrição

	Sem Restrição	6G ¹	3G ²	10F ³	50F ⁴
População A					
Machos	21.821	19.159 (87,8%)	11.145 (51,1%)	21.797 (99,9%)	21.203 (97,2%)
Fêmeas	37.285	33.365 (89,5%)	20.192 (54,2%)	37.263 (99,9%)	36.395 (97,6%)
População B					
Machos	7.774	6.029 (77,6%)	2.042 (26,3%)	7.675 (98,7%)	5.987 (77,0%)
Fêmeas	9.342	7.016 (75,1%)	2.307 (24,7%)	9.232 (98,8%)	7.270 (77,8%)

¹6G – Últimas seis gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B; ²3G – Últimas três gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B; ³10F – Machos com pelo menos dez filhos; ⁴50F – Machos com pelo menos 50 filhos.

Na tabela 7 são apresentadas as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para idade aos 100 kg de peso vivo (ID), espessura de toucinho aos 100kg de peso vivo (ET) e conversão alimentar (CA) nas populações completas com o banco de dados na íntegra e diferenças destas em cada situação de restrição para os dados reais e simulados.

Tabela 7 – Estimativas de herdabilidades (h_{ID}^2 , h_{ET}^2 , h_{CA}^2) e correlações genéticas ($r_{ID,ET}$, $r_{ID,CA}$, $r_{ET,CA}$) para idade aos 100kg de peso vivo (ID), espessura de toucinho aos 100kg de peso vivo (ET) e conversão alimentar (CA) nas populações simuladas e reais.

Populações simuladas												
	População A						População B					
	h_{ID}^2	h_{ET}^2	h_{CA}^2	$r_{ID,ET}$	$r_{ID,CA}$	$r_{ET,CA}$	h_{ID}^2	h_{ET}^2	h_{CA}^2	$r_{ID,ET}$	$r_{ID,CA}$	$r_{ET,CA}$
SR*	0,44	0,28	0,35	0,03	0,26	0,48	0,41	0,29	0,35	0,00	0,25	0,48
6G¹	0,44	0,29	0,35	0,03	0,26	0,48	0,41	0,28	0,34	0,01	0,25	0,47
3G²	0,42	0,29	0,36	0,05	0,25	0,47	0,38	0,25	0,32	-0,06	0,17	0,46
SR*	0,44	0,28	0,35	0,03	0,26	0,48	0,41	0,29	0,35	0,00	0,25	0,48
10F³	0,44	0,28	0,35	0,03	0,26	0,48	0,42	0,28	0,35	-0,01	0,25	0,49
50F⁴	0,43	0,28	0,35	0,04	0,26	0,48	0,40	0,27	0,36	0,01	0,24	0,51
SR*	0,41	0,29	0,39	0,06	0,26	0,56	0,40	0,28	0,38	-0,04	0,20	0,52
3OBS⁵	0,41	0,29	0,39	0,06	0,26	0,56	0,40	0,28	0,38	-0,03	0,20	0,52
6OBS⁶	0,41	0,29	0,39	0,06	0,26	0,55	0,39	0,28	0,38	-0,05	0,19	0,52
Populações reais												
	População A						População B					
	h_{ID}^2	h_{ET}^2	h_{CA}^2	$r_{ID,ET}$	$r_{ID,CA}$	$r_{ET,CA}$	h_{ID}^2	h_{ET}^2	h_{CA}^2	$r_{ID,ET}$	$r_{ID,CA}$	$r_{ET,CA}$
SR*	0,45	0,32	0,33	0,35	0,34	0,60	0,39	0,29	0,48	0,28	0,24	0,47
6G	0,44	0,29	0,29	0,38	0,33	0,61	0,38	0,22	0,52	0,31	0,28	0,52
3G	0,39	0,26	0,40	0,38	0,33	0,45	0,49	0,22	0,48	0,47	0,42	0,66
SR*	0,45	0,32	0,33	0,35	0,34	0,60	0,39	0,29	0,48	0,28	0,24	0,47
10F	0,45	0,32	0,33	0,35	0,34	0,60	0,39	0,29	0,48	0,29	0,25	0,49
50F	0,44	0,31	0,32	0,34	0,32	0,59	0,39	0,24	0,45	0,27	0,22	0,39
SR*	0,45	0,32	0,33	0,35	0,34	0,60	0,39	0,29	0,48	0,28	0,24	0,47
3OBS	0,45	0,32	0,33	0,35	0,34	0,60	0,39	0,29	0,49	0,28	0,24	0,47
6OBS	0,45	0,32	0,33	0,36	0,34	0,60	0,39	0,29	0,50	0,27	0,24	0,44

*SR – População sem restrições; ¹6G – Últimas seis gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B; ²3G – Últimas três gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B; ³10F – Machos com pelo menos dez filhos; ⁴50F – Machos com pelo menos 50 filhos; ⁵3OBS – Classes com menos de três observações excluídas das análises; ⁶6OBS – Classes com menos de seis observações excluídas das análises.

As restrições na população A simulada causaram pequenas alterações nas estimativas de herdabilidade e correlações genéticas quando comparadas com as populações sem restrições, com arquivos de dados completos, variando

na ordem de -0,02 a +0,02, mesmo em situações com grandes restrições como a 3G, em que 45,7% do arquivo de pedigree foi excluído.

A situação é similar na população B simulada com exceção da restrição 3G na qual se observam variações de +0,03 nas herdabilidades para ID, +0,04 para ET, e +0,03 para CA. Nesta mesma restrição também verificam-se maiores alterações nas correlações genéticas quando comparadas à população sem restrições com aumento de 0,07 para as correlações entre ID e ET, e ID e CA, respectivamente, e 0,02 entre ET e CA. Nas demais restrições a variação foi relativamente baixa com amplitudes de -0,01 a +0,02.

As amplitudes de variação das estimativas de herdabilidade e correlações genéticas foram maiores nas populações reais, o que era esperado visto que se tem maior controle das fontes de variação nas populações simuladas. Assim mesmo, para as restrições de número mínimo de filhos por macho e número mínimo de observações por classes de GC, a população A manteve uma variação similar à observada na simulada.

Alterações maiores para a população A real foram observadas nas restrições de números de gerações. Na restrição 6G, em relação à população sem restrições, as estimativas de herdabilidade variaram +0,03 e +0,04 para ET e CA, respectivamente, e as correlações genéticas variaram -0,03, +0,01 e -0,01 entre ID e ET, ID e CA, e ET e CA, respectivamente. Na restrição 3G as herdabilidades para ID e ET variaram +0,06, e CA variou -0,08, e as correlações genéticas variaram -0,03 entre ID e ET, +0,02 entre ID e CA, e +0,14 entre ET e CA.

A população B real foi a que apresentou maiores amplitudes nas estimativas de herdabilidade, em que maiores alterações são observadas na restrição 3G seguida por 6G e 50F. Na restrição 3G, em relação à população sem restrições, as herdabilidades para ID, ET e CA variaram -0,10, 0,07 e 0,00, respectivamente, e correlações genéticas a variação foi de -0,19 entre ID e ET, -0,18 entre ID e CA, e -0,19 entre ET e CA. Na restrição 6G, as herdabilidades para ID, ET e CA variaram 0,01, 0,07 e -0,04, respectivamente, e correlações genéticas a variação foi de -0,03 entre ID e ET, -0,04 entre ID e CA, e -0,05 entre ET e CA. Na restrição 50F, as herdabilidades para ID, ET e CA variaram 0,00, 0,05 e 0,03, respectivamente, e correlações genéticas a variação foi de 0,01 entre ID e ET, 0,01 entre ID e CA, e 0,08 entre ET e CA.

As estimativas de herdabilidade para idade aos 100 kg de peso vivo entre as populações reais, com os arquivos de dados íntegros, variaram de 0,39 para a população B composta pela raça Pietrain, a 0,45 para a população A composta pela raça Landrace. Estes valores foram superiores aos encontrados por BARBOSA *et al.* (2008) avaliando suínos da raça Large White com valor de 0,33, TORRES FILHO *et al.* (2005) que variaram de 0,13 a 0,20 avaliando desempenho de suínos da raça Large White, e PITA e ALBUQUERQUE (2001) que variaram de 0,24 a 0,27 avaliando suínos da raça Landrace, Large White e Pietrain para idade aos 95 kg. Valores similares foram observados por CHEN *et al.* (2002) avaliando idade para atingir 113,5 kg em 4 diferentes raças de suínos 0,38 e 0,40 para Landrace.

As estimativas de herdabilidade para ET entre as populações reais, com os arquivos de dados íntegros, variaram de 0,29 para a população B composta

pela raça Pietrain, a 0,32 para a população A composta pela raça Landrace. Estes valores foram menores aos encontrados por BARBOSA *et al.* (2008) de 0,44, CHIMONYO e DZAMA (2007) de 0,40 a 0,64 estudando parâmetros genéticos em suínos da raça Mukota, CHEN *et al.* (2002) com valores de 0,48 a 0,49, COSTA *et al.* (2001) de 0,50 na raça Landrace, JOHNSON *et al.* (2002) de 0,63 para a raça Landrace e 0,65 para a raça Yorkshire, LI e KENNEDY (1994) de 0,53, LUTAAYA *et al.* (2001) de 0,52 na raça Landrace e 0,35 na raça Large White, SUZUKI *et al.* (2005) de 0,72 avaliando parâmetros genéticos de suínos da raça Duroc no Japão e TORRES FILHO *et al.* (2005) de 0,46 a 0,55.

Em contrapartida, os valores encontrados foram superiores à encontrada por GONÇALVES *et al.* (2005) de 0,24 comparando diferentes estratégias para características de carcaça de suínos provenientes do cruzamento entre machos Meishan e fêmeas Large White e Landrace, e JANSS *et al.* (1997b) de 0,24 também com cruzamentos da raça Meishan com outras raças.

COBUCI *et al.* (2002) estimando parâmetros genéticos por inferência bayesiana em suínos da raça Landrace encontrou um valor para herdabilidade de ET de 0,33, próximo ao deste estudo para a mesma raça. Valores similares também foram observados por ARANGO *et al.* (2005) com o valor de 0,31 avaliando parâmetros genéticos em suínos Large White, COSTA *et al.* (2001) com o valor de 0,34 para a raça Duroc JOHNSON *et al.* (2002) de 0,31 para a raça Hampshire e LUTAAYA *et al.* (2001), de 0,29 para um composto de um cruzamento entre Landrace e Large White. JANSS *et al.* (1997a) também apresentaram um valor similar para ET de 0,29 utilizando um modelo poligênico com tamanho de cadeia diferente do utilizado por JANSS *et al.* (1997b).

As estimativas de herdabilidade para CA entre as populações reais, com os arquivos de dados íntegros, variaram de 0,33 para a população A composta pela raça Landrace, a 0,48 para a população B composta pela raça Pietrain. Estes valores foram maiores que os observados por CRUMP *et al.* (1997) de 0,18 e 0,27 avaliando machos e fêmeas Landrace, DUCOS *et al.* (1993) de 0,22 e 0,25 para animais da raça Large White e Landrace, HERMESCH *et al.* (2002) de 0,15, e HOQUE *et al.* (2007) de 0,27 estimando parâmetros genéticos da raça Duroc. Valores similares foram obtidos por TORRES JUNIOR (1996) avaliando suínos da raça Landrace e Large White com valores de 0,34 e 0,40, respectivamente.

Como observado na população B simulada, a restrição 3G também foi a que mais prejudicou nas estimativas da população real. A população A não apresentou grandes amplitudes em nenhum caso de restrição. Apesar disso, quando se comparam as médias estimadas dos valores genéticos dos animais selecionados na população sem restrições em relação aos valores obtidos pelos mesmos animais nos diferentes casos de restrição, verificam-se alterações importantes tanto nas populações simuladas quanto reais.

Na tabela 8 estão apresentadas as médias dos valores genéticos estimados para idade em dias aos 100 kg de peso vivo (ID), espessura de toucinho em mm aos 100 kg (ET) e conversão alimentar (CA) dos machos e das fêmeas selecionados das populações sem restrições e os desvios destas dos mesmos indivíduos em cada situação de restrição, pelos índices de seleção propostos para cada sexo nos dados reais e simulados. A proporção de

selecionados foi de 3% e 15% melhores animais do número de machos e fêmeas de cada população, respectivamente.

Tabela 8 – Médias dos valores genéticos estimados para idade aos 100 kg de peso vivo (ID), espessura de toucinho aos 100kg (ET) e conversão alimentar (CA) dos machos (3% melhores) e das fêmeas (15% melhores) selecionados das populações sem restrições e as médias dos indivíduos selecionados em cada situação de restrição, pelos índices de seleção propostos para cada sexo.

Populações simuladas												
	População A						População B					
	Machos			Fêmeas			Machos			Fêmeas		
	ID	ET	CA	ID	ET	CA	ID	ET	CA	ID	ET	CA
SR*	-9,45	-0,73	-0,143	-7,55	-0,49	-0,099	-7,78	-0,75	-0,149	-5,58	-0,49	-0,106
6G¹	-9,47	-0,74	-0,145	-7,59	-0,49	-0,100	-7,68	-0,77	-0,159	-5,62	-0,51	-0,107
3G²	-8,47	-0,75	-0,152	-6,99	-0,52	-0,102	-6,95	-0,65	-0,135	-4,72	-0,41	-0,101
SR*	-9,45	-0,73	-0,143	-7,55	-0,49	-0,099	-7,78	-0,75	-0,149	-5,58	-0,49	-0,106
10F³	-9,45	-0,73	-0,143	-7,55	-0,49	-0,099	-7,69	-0,76	-0,148	-5,55	-0,49	-0,106
50F⁴	-9,50	-0,73	-0,142	-7,55	-0,49	-0,099	-7,19	-0,77	-0,149	-5,20	-0,49	-0,106
SR*	-6,10	-0,68	-0,130	-4,37	-0,42	-0,085	-7,12	-0,55	-0,130	-4,95	-0,40	-0,088
3OBS⁵	-6,06	-0,68	-0,131	-4,37	-0,42	-0,085	-7,15	-0,55	-0,130	-5,01	-0,40	-0,087
6OBS⁶	-5,99	-0,68	-0,129	-4,32	-0,42	-0,084	-7,16	-0,53	-0,126	-4,77	-0,39	-0,087

Populações reais												
	População A						População B					
	Machos			Fêmeas			Machos			Fêmeas		
	ID	ET	CA	ID	ET	CA	ID	ET	CA	ID	ET	CA
SR*	-12,73	-1,51	-0,189	-11,36	-1,24	-0,159	-22,17	-1,05	-0,286	-19,94	-0,86	-0,22
6G	-12,92	-1,53	-0,191	-11,56	-1,26	-0,161	-22,29	-1,03	-0,293	-20,54	-0,88	-0,23
3G	-13,24	-1,56	-0,201	-12,37	-1,34	-0,170	-24,93	-1,11	-0,299	-23,55	-0,94	-0,24
SR*	-12,73	-1,51	-0,189	-11,36	-1,24	-0,159	-22,17	-1,05	-0,286	-19,94	-0,86	-0,22
10F	-12,74	-1,51	-0,189	-11,36	-1,24	-0,159	-22,11	-1,04	-0,286	-19,74	-0,86	-0,22
50F	-12,62	-1,51	-0,190	-11,31	-1,24	-0,159	-20,01	-0,95	-0,288	-17,27	-0,76	-0,21
SR*	-12,73	-1,51	-0,189	-11,36	-1,24	-0,159	-22,17	-1,05	-0,286	-19,94	-0,86	-0,22
3OBS	-12,74	-1,51	-0,189	-11,36	-1,24	-0,159	-22,14	-1,05	-0,286	-19,89	-0,86	-0,22
6OBS	-12,74	-1,51	-0,189	-11,36	-1,24	-0,159	-22,05	-1,02	-0,286	-19,83	-0,85	-0,22

*SR – População sem restrições ; ¹6G – Últimas seis gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B; ²3G – Últimas três gerações consideradas na análise, de um total de nove gerações da população A e dez da B; ³10F – Machos com pelo menos dez filhos; ⁴50F – Machos com pelo menos 50 filhos; ⁵3OBS – Classes com menos de três observações excluídas das análises; ⁶6OBS – Classes com menos de seis observações excluídas das análises.

Para fins de comparação entre as alterações das médias de valores genéticos nas diversas situações de restrição, considerou-se uma alteração x significativa qualquer restrição que tenha alterado a média de pelo menos uma das características. Foram consideradas significativas, alterações de 5%, 10% e 15% no objetivo de ganho genético anual determinado para este estudo para CA, ID e ET, respectivamente.

A razão de se determinar alterações significativas com valores percentuais diferentes se deve aos diferentes pesos aplicados às características nos índices de seleção. Desta forma, mudanças de 0,001 em CA, 0,25 dias para ID e 0,02 para ET serão consideradas importantes.

A mudança em 0,001 na CA, equivalente a 1g de consumo de ração, à primeira vista, pode parecer irrelevante frente às outras características, em que a alteração de ID no ganho anual de 0,25 irá impactar em um dia para atingir 100 kg ao final de quatro anos e em 0,1 mm na ET ao final de 5 anos, mas é coerente quando avalia-se a questão econômica. Com uma conversão alimentar aos 100 kg de peso vivo de 2,222, a diferença de -1 g representa apenas 100 g de ração a menos no consumo de um animal, entretanto, quando considera-se, por exemplo, o volume anual de animais abatidos de uma agroindústria de 6.000.000 de cabeças, e um custo médio da ração de R\$ 0,37/kg, têm-se o ganho anual de R\$ 222.000,00.

A população simulada A sofreu alterações significativas para machos nas restrições 6G (-0,002 CA), 3G (+0,98 ID, -0,02 ET e -0,009 CA), 50F (+0,001 CA), 3OBS (-0,001 CA) e 6OBS (+0,001 CA), e para fêmeas, nas restrições 6G (-0,001 CA), 3G (+0,56 ID, -0,03 ET e -0,003 CA) e 6 OBS (+0,001 CA). A

população simulada B sofreu alterações significativas em praticamente todas as restrições, com exceção da restrição 3OBS e 10F para machos e fêmeas respectivamente.

Dentre as populações simuladas, maiores variações das médias originais são observadas na B em todas as características, tanto para machos quanto para as fêmeas, com exceção da restrição 6G para ID nos machos. As variações para CA foram de -0,010 a +0,014 para machos e -0,001 a +0,005 para fêmeas na população B, contra -0,009 a +0,001 e -0,003 a +0,001 na população A, para machos e fêmeas, respectivamente. Para ID as variações foram de -0,04 a +0,83 dias para machos, contra -0,05 a +0,98, e -0,06 a +0,86 para fêmeas, contra -0,04 a +0,56. Para ET, de -0,02 a +0,10 mm para machos, contra -0,01 a -0,02, e -0,02 a +0,08 para fêmeas, contra -0,03.

Alterações nas médias são observadas mesmo em situações em que houve uma leve restrição dos dados, como caso dos machos no 3OBS, em que apenas 35 observações foram excluídas do arquivo de dados, distribuídas em 18 classes de GC de um total de 1.023. Na população simulada A apenas a situação de restrição 10F não apresentou variação significativa nos machos, e na B, a 3OBS. As fêmeas não apresentaram variação significativa em 10F, 50F e 3OBS na A, e na B, apenas a 10F não apresentou mudanças.

Maiores alterações das médias são observadas nos machos, tanto na população A quanto na B. Tal comportamento é esperado uma vez que há uma menor proporção de machos na população, e somado a isso, a intensidade de seleção é maior nos machos, o que significa que há um menor número de animais sendo selecionados. As restrições podem alterar mais facilmente a

média dos selecionados com a variação dos valores genéticos de um número de indivíduos menor do que nas fêmeas.

A sensibilidade às restrições na alteração da média dos indivíduos selecionados pelo menor número de animais selecionados também explica a maior variação observada na população B comparada à A. Observa-se que mesmo em situações com leves restrições como 10F e 3OBS, em que houve uma redução de menos de 2% do arquivo de dados, há alterações significativas nas médias.

Dentre as situações de restrições avaliadas, as restrições envolvendo o número de gerações incluídas na análise foram as que causaram maiores impactos nas alterações das médias dos valores genéticos dos animais selecionados, tanto na população B quanto na A. Na restrição 3G, em que houve redução de 45,7% da informação do pedigree da população A e 73,6% da B, foram observadas as maiores variações das médias de todas as características, indicando que tal restrição pode ser altamente desaconselhável.

A população real A sofreu alterações significativas para machos nas restrições 6G (-0,02 ET e -0,002 CA), 3G (-0,51 ID, -0,05 ET e -0,012 CA) e 50F (-0,001 CA), e para fêmeas, nas restrições 6G (-0,02 ET e -0,002 CA) e 3G (-1,01 ID, -0,10 ET e -0,011 CA). A população real B sofreu alterações significativas em menos restrições do que a simulada, não apresentando diferenças em 10F e 3OBS para machos, e 10F, 3OBS e 6OBS para fêmeas.

Na população real A, as restrições para filhos e GC não apresentaram alterações significativas, com exceção da 50F, em que houve variação de -0,001 na CA nos machos. A população real não apresentou variações para as

restrições com GC. Isso pode ser explicado em função do percentual de observações excluídas nas restrições para as duas populações. Na restrição para filhos, em que a quantidade de informações excluída foi exatamente a mesma nos casos simulados e reais, houve um mesmo comportamento de alteração das médias. Já nas restrições de GC, houve maior exclusão de dados na população simulada, como está apresentado no gráfico na Figura 1.

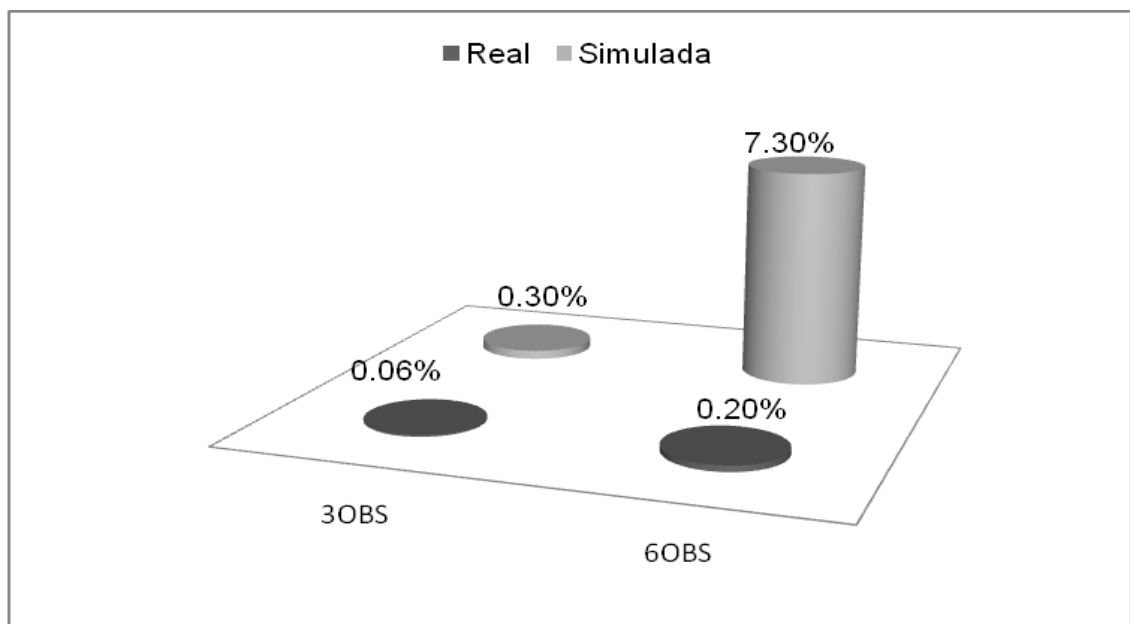


Figura 1 – Percentual de observações excluídas nas restrições de classes de GC menores que três (3OBS) e seis (6OBS) observações nas populações A, real e simulada.

A restrição 6OBS gerou maior redução das informações na população simulada contribuindo para a alteração significativa de +0,001 em CA ,enquanto não houve nenhuma alteração nas três características na população real. Outro fator que pode ter contribuído para esta alteração significativa é o fato da população simulada possuir um maior número de níveis de GC, enquanto a real teve uma redução de 3,9% do total de níveis, a simulada teve 13,9%.

Assim como nas populações A, na população real B, observou-se um comportamento similar ao obtido no caso simulado nas restrições com número

de filhos e, como no caso simulado, sofreram maiores variações nestas restrições do que a população A.

No gráfico da Figura 2 são apresentados os percentuais das observações excluídas nas populações B.

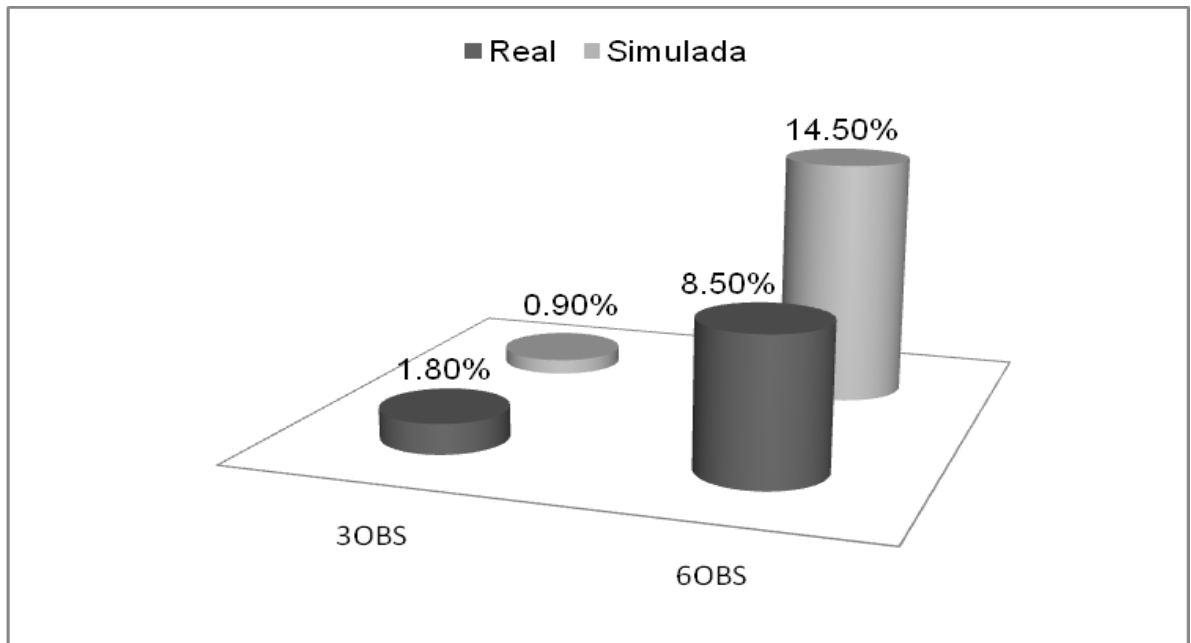


Figura 2 – Percentual de observações excluídas nas restrições classes de GC menores que três (3OBS) e seis (6OBS) observações nas populações B, real e simulada.

A população B sofreu maiores variações do que a população A, como foi observado também nas populações simuladas. As variações para CA foram de -0,013 a -0,002 para machos e -0,020 a +0,010 para fêmeas, na população B, contra -0,012 a -0,001 e -0,011 a -0,002 na população A, para machos e fêmeas, respectivamente. Para ID, as variações foram de -2,76 a +2,16 dias para machos, contra -0,51 a +0,11 na A, e -3,61 a +2,67 para fêmeas, contra -1,01 a +0,05. Para ET, de -0,06 a +0,10 mm para machos, contra -0,02 a -0,05 na A, e -0,08 a +0,10 para fêmeas, contra -0,010 a -0,02.

Tanto na população A quanto na B foram observados casos com variações das médias, em valor absoluto, maiores do que nas respectivas populações simuladas, principalmente nas restrições 3G e 50F. Na população B, todas as características passam a apresentar variações significativas em 50F para machos e o mesmo ocorre para fêmeas na qual apenas ID foi significativa na simulada. Neste caso, mais de 20% dos machos e fêmeas foram excluídos da análise, com desvios para ID de +2,16 e +2,67, para ET de +0,10 e +0,10, e para CA de -0,002 e +0,010 em machos e fêmeas, respectivamente. Essa foi a restrição que mais alterou as médias, depois da restrição 3G, com desvios para ID de -2,76 e +3,61, para ET de -0,06 e -0,08, e para CA de -0,013 e -0,020, em machos e fêmeas, respectivamente.

Retornando ao raciocínio do valor de 0,001 na CA (R\$ 222.000,00 anuais), a alteração de 0,020, observada na restrição 3G, impactaria em R\$ 4.440.000,00. Isso reflete a importância de se ter cautela nas restrições nos arquivos de dados. Ao final de 5 anos de seleção, uma alteração de 3,61 dias para atingir 100 kg de peso vivo, causaria uma diferença de 18,05 dias e, 0,10 mm de espessura de toucinho, causaria uma diferença de 0,5mm.

Como no caso simulado, novamente as restrições com número de gerações foram as que causaram as maiores alterações, tanto na população A quanto na B, com maiores impactos observados na 3G, em que se observaram variações extremas das médias das características, comparadas às respectivas populações sem restrições. Apesar disso, esta restrição é comumente utilizada em estudos de avaliação genética.

IWAISAKI *et al.*(2005), estimando parâmetros genéticos de gado da raça Gelbvieh por modelos multi-característica e de regressão aleatória com uma

função linear spline, e TSURUTA *et al.*(2005), estimando parâmetros genéticos para produção de leite do rebanho de gado holandês dos EUA, também fizeram uso da restrição do arquivo de pedigree a três gerações.

Os impactos podem ser ainda maiores quando esta e outros tipos de restrição são aplicados conjuntamente em arquivos de dados com estrutura composta por poucos animais. O uso de uma ou mais restrições simultâneas, apresentadas neste estudo, também são comumente utilizados em estudos de avaliação genética.

Um exemplo de múltiplas restrições em uma população com pequeno número de animais é observado no estudo de ALBUQUERQUE e EL FARO (2008), comparando valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore, preditos com modelos de dimensão finita ou infinita, em que restringiram o arquivo de pedigree a três gerações para avaliar 3.016 animais, filhos de apenas 95 touros. Além desta restrição, foram mantidos apenas animais com registros de pelo menos três observações que não extrapolaram \pm três desvios-padrão e também considerados apenas grupos contemporâneos com pelo menos quatro animais.

HERRERA *et al.*(2008), estimando parâmetros genéticos para produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória, também fazem uso da restrição do pedigree à três gerações, além de restringir classes de grupo contemporâneo com menos de três observações. O arquivo de pedigree considerado continha apenas 7.582 animais, sendo 461 touros.

VARGAS *et al.*(2006), estimando parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle e em 305 dias para primeiras lactações de vacas da

raça Holandesa, excluíram touros com menos de três filhas e grupos contemporâneos com menos de 5 observações, além de outras restrições, reduzindo o arquivo de dados de 373.795 registros de controle leiteiro a apenas 39.578 controles com 7.555 animais após as restrições.

SARMENTO *et al.*(2005), comparando modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros, reduziu o arquivo de 17.482 registros de lactação a 9.374 animais com produções superiores ou inferiores a três desvios-padrão da média da semana da lactação – produções que ocorreram em grupos contemporâneos com menos de cinco cabras e lactações com menos de seis controles.

5. CONCLUSÕES

Para a avaliação genética dos indivíduos das populações deste estudo, as restrições envolvendo número de gerações, machos com número mínimo de filhos e grupos contemporâneos com número mínimo de observações devem ser evitadas quando a proporção de animais ou de observações excluídas excede em 1%. A restrição que mais causou alterações nos valores genéticos dos indivíduos foi a que restringiu os arquivos a três gerações na população A e B. Seguida desta, a restrição que causou maiores alterações foi a de machos com pelo menos 50 filhos na população B.

A restrição do conjunto de dados a três gerações é desaconselhável em estudos de avaliação genética, tanto em populações com grande quanto pequeno número de animais, por causar grandes variações nas estimativas e comprometer as avaliações.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L. G. de; FARO, L. El. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 37, n. 2, Fev. 2008.
- ALMEIDA NETO, P.P.; et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos de características de carcaça de suínos. **Rev. Soc. Bras. Zootec.**, 1993, v.22: p.624-633.
- ANDREAZZA, J. et al. . Parâmetros genéticos e eficiência relativa de seleção para a produção de leite no dia do controle para vacas da raça Holandesa. **Cienc. Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 2, Abr. 2008.
- ARANGO, J., et al. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. **J. Anim Sci.** 2005. 83: 499-506.
- ASSIS, G. M. L. de et al . Estimação de componentes de variância sob influência de genes de efeito principal, comparando-se metodologias Bayesiana e clássica sob diferentes cenários.. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 36, n.5, Out. 2007.
- BARBOSA, L. et al . Estimação de parâmetros genéticos em suínos usando Amostrador de Gibbs. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 37, n. 7, Julho de 2008.
- BOHMANOVA, J., MISZTAL, I., BERTRAND, J. K. Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth **J. Anim Sci.**, 2005 83: 62-67

- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. de; RORATO, P. R. N. Genetic associations among weights and reproductive traits in Nellore cattle. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 37, n. 4, Abr. 2008.
- BRACCINI, J. N., et al. Comparação de metodologias de predição de valores genéticos utilizando dados simulados. **R. Bras. Zootec.**, v.33, 2004, n.6, p.1683-1688.
- BREDA, F. C. et al . Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de cabras da raça Alpina. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 35, n. 2, Abr. 2006.
- CARNEIRO, A. P. S. et al . Erros na classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente superiores avaliados na presença de heterogeneidade. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 35, n. 5, Out. 2006.
- CHEN, P., et al. Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs **J. Anim Sci.**, 2002. 80: p. 2062-2070
- CHIMONYO, M. ; DZAMA, K. Estimation of genetic parameters for growth performance and carcass traits in Mukota pigs. **Animal**, 2007, 1: p. 317–323. doi: 10.1017/S1751731107661849
- COBUCCI, J. A. ; et al. Inferência bayesiana na estimação de parâmetros genéticos de suínos.. In: **Reunião da sociedade brasileira de melhoramento animal**, 2002, Campo Grande. IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal. Campo Grande, 2002. p. 82-84.
- COSTA, A. R. C. da et al . Tendências genéticas em características de desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. **Rev. Bras. Zootec.**, Viçosa-MG, v. 30, n. 2, Abr. 2001.
- CRUMP, R.E.; HALEY, C.S.; THOMPSON, R. et al. Individual animal model estimates of genetic parameters for performance test traits of male and female Landrace pigs tested in a commercial nucleus herd. **Anim. Sci.**, v.65, p.275-283, 1997.
- DUCOS, A.; BIDANEL, J.P.; DUCROCQ, V. et al. Multivariate restricted maximum likelihood parameters for growth, carcass and meat quality traits in French Large White and French Landrace pigs. **Genet. Sel. Evol.**, v.25, p.475-493, 1993.

- GIANOLA, D.; IM, S.; FERNANDO, R.L. Prediction of breeding value under Henderson's selection model: a revisitation. **Journal of Dairy Science**, v.71, n.10, p.2790-2798, 1988.
- GONCALVES, T. de M. et al . Comparação de diferentes estratégias para a análise de características de crescimento e de carcaça de suínos cruzados: modelos finito e infinitesimal poligênico. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 34, n. 5, Out. 2005 .
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. JAY L. LUSH, 1972, Blacksburg. Proceedings... Champaign: ASAS/ADSA, 1973. p.10-41.
- HENDERSON, C.R. Comparison of alternative sire evaluation methods. **Journal of Animal Science**, v.41, 1975.n.3, p.760-770.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction in populations that have undergone selection. In: **WORLD CONGRESS ON SHEEP AND BEEF CATTLE BREEDING**, 1:Technical, 1980, Palmerston North. Proceedings... Palmerston North: The Dunmore Press Limited, 1982. v.2, p.191-200.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction using relationship matrices derived from selected base populations. **Journal of Dairy Science**, v.68, n.2, p.443-448, 1985.
- HERRERA, L. G. G. et al . Estimates of genetic parameters for milk yield and persistency of lactation of Gyr cows, applying random regression models. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 37, n. 9, Set. 2008.
- HERRERA, L. G. G. et al . Genetic parameters of test-day and accumulated 305 day milk yields in first lactation of Gyr cattle. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 37, n. 10, Out. 2008.
- HERMESCH, S.; LUXFORD, B.G.; GRASER, H.U. Feeding level influences genetic parameters for performance traits in pigs. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, France. **Proceeding**. Montpellier, 2002. p.143-146.
- HOQUE, M. A., et al. Genetic parameters for measures of feed efficiency of boars and their genetic relationships with its component traits in Duroc pigs **J. Anim Sci**. 2007 0: jas.2006-730
- IRGANG, R. Limites fisiológicos do melhoramento de suínos. In. **XXXV REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**, 1998.

- Botucatu – SP. Simpósio: Aditivos na produção de ruminantes , Aditivos na produção de não-ruminantes , Fronteiras do melhoramento genético animal. Botucatu – SP. Sociedade Brasileira de Zootecnia. 1998, p. 355 – 369.
- IWAISAKI, H., et al. Genetic parameters estimated with multitrait and linear spline-random regression models using Gelbvieh early growth data. **J Anim Sci.** 2005. 83:757-763.
- JANSS, LLG., VAN-ARENDONK, JAM., BRASCAMP, E. W. Bayesian Statistical Analyses for Presence of Single Genes Affecting Meat Quality Traits in a Crossed Pig Population, **Genetics**, 1997a, v.145, p.395-408
- JANSS, L.L.G.; Van ARENDONK J.A.M.; BRASCAMP, E.W. Bayesian statistical analyses for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. **Genetics**, 1997b, v.145, p.395-408.
- JOHNSON, Z. B., CHEWNING, J. J., NUGENT, R. A., 3rd Maternal effects on traits measured during postweaning performance test of swine from four breeds **J. Anim Sci.** 2002 80: 1470-1477.
- KIRKPATRICK, M., MEYER, K. Direct Estimation of Genetic Principal Components: Simplified Analysis of Complex Phenotypes **Genetics** 2004 168: 2295-2306.
- LI, X., KENNEDY, B. W. Genetic parameters for growth rate and backfat in Canadian Yorkshire, Landrace, Duroc, and Hampshire pigs **J. Anim Sci.** 1994 72: 1450-1454.
- LUTAAYA, E.; MISZTAL, I.; MABRY, J.W. et al. Genetic parameter estimates from joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine using the crossbred model. **Journal of Animal Science**, v.79, p.3002-3007, 2001.
- MEYER, K. and KIRKPATRICK, M. Perils of Parsimony: Properties of Reduced-Rank Estimates of Genetic Covariance Matrices **Genetics**. 2008 October; 180(2): 1153–1166. doi: 10.1534/genetics.108.090159. PMID: PMC2567364
- MEYER, K.; THOMPSON, R. Bias in variance and covariance component estimators due to selection on a correlated trait. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.101, p.33-50, 1984.
- MISZTAL, **REMLF90** Manual: Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf>>, 2002, Acessado em: 17 Dez de 2008.

- MISZTAL, I., GIANOLA, D., SCHAEFFER, L. R. Extrapolation and Convergence Criteria with Jacobi and Gauss-Seidel Iteration in Animal Models **J. Dairy Sci.** 1987 70: 2577-2584
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. **Biometrics**, 1971.58: 545-554.
- PITA, F. V. da C.; ALBUQUERQUE, L. G. de. Resposta à Seleção para Características de Desempenho em um Rebanho de Seleção de Suínos. Rev. **Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 30, n. 6, Dez. 2001.
- POLLAK, E. J., QUAAS, R. L. Monte Carlo study of within herd multiple trait evaluation of beef cattle. **J. Anim. Sci.**, Champaign, v. 52, p. 248-56, 1981.
- SARMENTO, J. L. R. et al . Comparison of random regression models for the estimation of genetic parameters in dairy goats. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 37, n. 10, Out. 2008.
- SUZUKI, K., et al. Genetic parameter estimates of meat quality traits in Duroc pigs selected for average daily gain, longissimus muscle area, backfat thickness, and intramuscular fat content **J. Anim Sci.**, 2005 83: 2058-2065
- TORRES JÚNIOR, R.A.A. **Eficiência das informações de diferentes grupos contemporâneos na avaliação genética de suínos utilizando modelos mistos em procedimentos uni e multivariados.** 1996. 117f. Dissertação (Mestrado). – Departamento de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- 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.** [online]. 2005, vol.57, suppl.2, pp. 237-244.
- TSURUTA, S., MISZTAL, I. , LAWLOR, T. J. Changing Definition of Productive Life in US Holsteins: Effect on Genetic Correlations. **J. Dairy Sci.** 2005. 88:1156–1165.
- VARGAS, A. D. F. et al . Estimacão de parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle e em 305 dias para primeiras lactações de vacas da raça Holandesa. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 35, n. 5, Out. 2006 .
- WOLF, J. et al . Genetic parameters for a joint genetic evaluation of production and reproduction traits in pigs. **Czech J. Anim. Sci.**, 50, 2005 (3): p. 96–103

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)