

**ANÁLISE GENÉTICA DA TAXA DE  
CRESCIMENTO EM MÚSCULO E DE  
CARACTERÍSTICAS DE CARÇA EM UM  
REBANHO DE SUÍNOS LARGE WHITE**

**ANA LUÍSA LOPES DA COSTA**

**2008**

**ANA LUÍSA LOPES DA COSTA**

**ANÁLISE GENÉTICA DA TAXA DE CRESCIMENTO EM MÚSCULO E  
DE CARACTERÍSTICAS DE CARÇA EM UM REBANHO DE  
SUÍNOS LARGE WHITE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Tarcisio de Moraes Gonçalves

LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2008

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca Central da UFLA**

Lopes da Costa, Ana Luísa.

Análise genética da taxa de crescimento em músculo e de características de carcaça em um rebanho de suínos Large White / Ana Luísa Lopes da Costa. – Lavras : UFLA, 2008.

83 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2008.

Orientador: Tarcisio de Moraes Gonçalves.

Bibliografia.

1. Modelo poligênico finito. 2. Método Bayesiano. 3. MCMC análises I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 636.42

**ANA LUÍSA LOPES DA COSTA**

**ANÁLISE GENÉTICA DA TAXA DE CRESCIMENTO EM MÚSCULO E  
DE CARACTERÍSTICAS DE CARÇA EM UM REBANHO DE  
SUÍNOS LARGE WHITE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de “Mestre”.

Aprovada em 29 de Fevereiro de 2008.

Prof. Antônio Iلسon Gomes de Oliveira – DZO/UFLA

Prof. José Augusto de Freitas Lima – DZO/UFLA

Prof. João Bosco dos Santos – DBI/UFLA

Prof. Tarcisio de Moraes Gonçalves

**(Orientador)**

**LAVRAS**

**MINAS GERAIS – BRASIL**

A Deus, por sempre estar  
presente em minha vida,  
iluminando e guiando meus  
caminhos e decisões.

**DEDICO**

Aos meus pais José Alfredo e Norma, aos meus  
irmãos Pedro, Cecília, José e Ana Beatriz pelo  
apoio, incentivo, carinho, por sempre estarem ao  
meu lado e compreenderem minha ausência.  
Ao Bruno, meus amigos e amigas pelo constante  
apoio, encorajamento e companheirismo.

**OFEREÇO**

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização do curso.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Prof. Tarcisio de Moraes Gonçalves, pela orientação, confiança, apoio e ensinamentos.

Aos professores Antônio Ilson Gomes de Oliveira, João Bosco dos Santos e José Augusto de Freitas Lima pelas sugestões.

Aos colegas do melhoramento animal, pela constante ajuda e apoio.

A todos os funcionários do departamento de Zootecnia da UFLA.

A todos os amigos de Lavras e de São José dos Campos pela amizade, companheirismo, apoio e convívio.

Ao Bruno pela companhia, apoio e carinho.

A todos os familiares e aqueles que colaboraram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

E a Deus por tornar tudo isso possível!

## SUMÁRIO

	<b>Página</b>
<b>RESUMO</b> .....	i
<b>ABSTRACT</b> .....	iii
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	3
2.1 Características de carcaça importantes para suínos.....	3
2.2 Genes de efeito principal.....	4
2.3 Estimacões de parâmetros genéticos.....	6
2.4 Métodos de estimacão.....	9
2.5 Inferência Bayesiana.....	10
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	13
3.1 Dados.....	13
3.2 Classificacão e dissecação das carcaças.....	13
3.3 Características analisadas.....	14
3.3.1 Características de classificacão.....	14
3.3.2 Características de dissecação.....	14
3.3.3 Taxa de crescimento em músculo (TCM).....	15
3.4 Modelos ajustados.....	16
3.5 Estimacão dos parâmetros estudados por inferência Bayesiana.....	18
3.6 Diagnóstico de convergência.....	19
3.7 Número fixo de GEP.....	20
3.8 Distribuicões adotadas <i>a priori</i> .....	21
3.9 Distribuicões conjuntas <i>a posteriori</i> .....	22
3.10 Análises computacionais <i>a posteriori</i> .....	23
3.11 Amostragem dos genótipos dos genes no MPF.....	24
3.12 Inferência <i>a posteriori</i> e seleçao do modelo.....	24
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	26
4.1 Estatística descritiva.....	26
4.2 Tamanho efetivo da cadeia (TEC).....	27
4.3 Genes de efeito principal (GEP).....	28
4.4 Açao gênica.....	34
4.5 Distribuicão de probabilidades.....	38
4.6 Estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ).....	43
<b>5 CONCLUSÕES</b> .....	46
<b>6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	47
<b>7 ANEXOS</b> .....	53

## RESUMO

LOPES DA COSTA, Ana Luísa. **Análise Genética da Taxa de Crescimento em Músculo e de Características de Carcaça em um Rebanho de Suínos Large White**. 2008. 83p. (Dissertação – Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.<sup>1</sup>

O objetivo do presente trabalho foi estudar modelos alternativos para conhecer a genética de características de classificação e dissecação de carcaça e taxa de crescimento em músculo; detectar genes de efeito principal (GEP) e estimar parâmetros genéticos em um rebanho Large White, empregando metodologia Bayesiana. Foram utilizados dados de rendimento de carcaça (RC), comprimento de carcaça pelo MBCC (CCMB), comprimento de carcaça pelo método americano (CCMA), espessura de toucinho média (ETM), espessura de toucinho a 6,5cm da linha dorsal ( $P_2$ ), área de olho de lombo (AOL), relação carne:gordura (RCG), rendimento de pernil (RP), porcentagens de carne (PC), de gordura (PG) e de cortes magros (PCM), relação peso da gordura / peso da carne (RGC) e taxa de crescimento em músculo (TCM) obtidos de 711 suínos Large White. Modelo Poligênico Finito (MPF), Modelo Poligênico Infinitesimal (MPI) e MPF combinado com MPI foram empiricamente testados. Foi usada uma metodologia Bayesiana através do uso da Cadeia de Markov, algoritmos de Monte Carlo (MCMC), via Amostrador de Gibbs e *Reversible Jump Sampler (Metropolis-Hastings)* usando o pacote computacional FlexQTL™. Considerando o modelo MPF, observamos que a maioria das características estudadas são oligogênicas. Analisando os fatores de Bayes ao ajustar este modelo, existe uma evidência positiva de que as características  $P_2$  e RP sejam influenciadas por um GEP. Para CCMB, CCMA, PG e RGC essa evidência é forte e para RC, AOL, PCM e TCM ela é decisiva. Quando considerado o modelo combinado MPF + MPI só encontramos evidência decisiva da presença de um GEP para as características RC, AOL e TCM. Considerando este modelo, RC e TCM têm expressão gênica de sobre dominância e AOL de dominância parcial. As estimativas da verdadeira herdabilidade encontradas para as características RC, AOL e TCM foram de 0,11; 0,36 e 0,17, respectivamente. Já para as demais características, de efeito poligênico, as estimativas foram de 0,30 (CCMB); 0,18 (CCMA); 0,15 (ETM); 0,16 ( $P_2$ ); 0,20 (RP); 0,13 (RCG); 0,51 (PC); 0,38 (PG); 0,38 (PCM) e 0,42 (RGC). Para diagnósticos que confirmem a composição genética de características quantitativas há necessidade do ajuste de modelos combinando efeitos oligogênicos e poligênicos com o número de GEP

---

<sup>1</sup>Comitê de Orientação: Tarcisio de Moraes Gonçalves – UFLA (Orientador); José Augusto de Freitas Lima – UFLA; Eduardo Pinto Filgueiras – UFLA.

considerado como uma variável aleatória. A consistência dos resultados obtidos com o ajuste dos modelos propostos sugere que há evidências de que RC, AOL e TCM, que eram consideradas somente de efeito poligênico, sejam influenciadas por GEPs e os valores das estimativas de herdabilidade para estas características devem ser calculados considerando esses efeitos, sendo assim chamadas de herdabilidades verdadeiras.

## ABSTRACT

LOPES DA COSTA, Ana Luísa. **Genetic Analyze of the Lean Tissue Growth and Carcass Traits in a Large White swine herd**. 2008. 83p. (Dissertation – Master of Science in Animal Science) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.<sup>1</sup>

The objective was to study alternative models to know the genetic composition of some carcass traits and lean tissue growth; to detect major genes (GEP) and to estimate genetics parameters in a Large White herd using a Bayesian methodology. Were used data of dressing percentage (RC), carcass length by MBCC (CCMB), carcass length by the American method (CCMA), average backfat thickness (ETM), backfat thickness at 6.5cm from the dorsal line (P<sub>2</sub>), loin eye area (AOL), lean:fat ratio (RCG), ham yield (RP), lean (PC) fat (PG) and lean cuts percentages (PCM), fat weight:lean weight ratio (RGC), and lean tissue growth rate (TCM) obtained from 711 Large White swine. Finite Polygenic Model (MPF), Infinite Polygenic Model (MPI) and MPF combined with MPI were tested. A Bayesian methodology through the Markov Chain Monte Carlo (MCMC) implemented with Gibbs Sampler and “Reversible Jump Sampler (Metropolis-Hastings)” with the computational package FlexQTL™ was used. Considering the MPF model, almost all the studied traits are oligogenics. Analyzing the Bayes Factor for this model, there is positive evidence that P<sub>2</sub> and RP are influenced by only one GEP. For CCMB, CCMA, PG and RGC this evidence is strong and for RC, AOL, PCM and TCM is decisive. When the combined model (MPF + MPI) was considered, decisive evidence for the presence of one GEP was found only for RC, AOL and TCM traits. Considering this model, RC and TCM have the gene expression of over dominance and AOL of partial dominance. The estimates of the true heritability for RC, AOL and TCM were 0.11; 0.36 e 0.17, respectively. For the other traits, with polygenic effect, the estimates were 0.30 (CCMB); 0.18 (CCMA); 0.15 (ETM); 0.16 (P<sub>2</sub>); 0.20 (RP); 0.13 (RCG); 0.51 (PC); 0.38 (PG); 0.38 (PCM) and 0.42 (RGC). To confirm the genetic composition of quantitative traits is necessary to adjust models that combine oligogenic and polygenic effects, considering the number of GEP as a random variable. The results obtained with the adjustment of the studied models suggests that are evidence that RC, AOL and TCM, that were considered only polygenic, were influenced by GEPs and the values of the true heritability estimations for these traits should be calculated considering those effects.

---

<sup>1</sup>Guidance Committe: Tarcisio de Moraes Gonçalves – UFLA (Adviser); José Augusto de Freitas Lima – UFLA; Eduardo Pinto Filgueiras – UFLA.

## 1 INTRODUÇÃO

As características de carcaça são muito importantes na indústria suinícola, principalmente aquelas relacionadas ao maior rendimento de carne e a menor deposição de gordura, para que se possa atender ao crescente e exigente mercado consumidor. Aumentar a quantidade de carne na carcaça de suínos tem sido o objetivo não somente da indústria, como também do produtor de suínos, pois melhora a rentabilidade e diminui os custos de produção.

O melhoramento genético de suínos tem se concentrado nas características de produção e qualidade de carcaça que são controladas geralmente por genes de efeito aditivo, possuindo herdabilidades variando de média a alta, o que viabiliza o uso da seleção como um método eficiente de melhoramento.

Embora algumas características sejam herdadas de forma simples, ou seja, serem controladas por um ou poucos genes relativamente sem influência do meio ambiente, a maioria das características de importância econômica nos animais domésticos é muito complexa. Dentre estas últimas, a maioria são características quantitativas, influenciadas por muitos genes com pequeno efeito e que sofrem grande influência do meio ambiente. Em contraste a essa pressuposição, Lande (1981) sugeriu que poucos genes poderiam ser responsáveis por grande parte da variação das características quantitativas.

A identificação de genes individuais que expliquem a variação fenotípica pode ser crucial para se entender o mecanismo genético básico responsável pela variação das características quantitativas. Os métodos clássicos de análise parecem não serem apropriados para os estudos de variabilidade genética explicadas por genes de efeito principal (GEP). Com o avanço de novas

tecnologias estatísticas e computacionais é possível descobrir genes individuais e suas localizações nos cromossomos.

Quase todas as estimativas de componentes de variância aditiva e não aditiva encontradas na literatura são obtidas através do ajuste do Modelo Poligênico Infinitesimal (MPI) por meio do método de estimação da máxima verossimilhança ou dos quadrados mínimos, considerando que as características sejam poligênicas. No Modelo Poligênico Finito (MPF) é considerado que essas características sejam influenciadas por poucos genes (oligogênicas) e tem sido estudado como um modelo alternativo para a predição de componentes de variância genéticos.

O objetivo desse trabalho foi estudar modelos alternativos para se conhecer a genética de algumas características de carcaça e da taxa de crescimento em músculo; detectar genes de efeito principal (GEP) e estimar parâmetros genéticos em um rebanho Large White, empregando a metodologia Bayesiana.

## **2 REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1 Características de Carcaça Importantes para Suínos**

O aumento na produção mundial de carne suína é devido, principalmente, ao intenso melhoramento genético realizado nos últimos anos. Além da quantidade produzida, há uma freqüente preocupação com a sua qualidade. A indústria valoriza a carcaça magra, com pouca espessura de toucinho e que origine cortes com alto rendimento em carne.

Dentre as características de importância econômica na suinocultura, as de carcaça e desempenho em deposição de carne têm merecido grande atenção nos últimos anos. Isso devido ao pagamento, baseado na tipificação e bonificação das carcaças, realizado pela indústria de processamento da carne suína, que passou a exigir carcaças com maior quantidade de carne (em porcentagem e peso), menor quantidade de gordura e qualidade adequada para gerar maiores rendimentos nos processos industriais (Fernandez Giné, 2004).

Aumentar a quantidade e melhorar a qualidade da carne na carcaça tem sido o objetivo não só da indústria, mas também do produtor, já que melhora a rentabilidade e diminui os custos de produção.

A classificação de carcaças de suínos tem por finalidade tipificar e classificar as carcaças para bonificar o produtor que forneça carcaças com melhor rendimento e qualidade de carne para um maior aproveitamento industrial, padronizando os produtos e atendendo as exigências do mercado.

Dependendo do processo de tipificação, inclui-se como qualidade de carcaça o rendimento ou a quantidade de carne na carcaça, a conformação visual, as medidas de tamanho da carcaça e a qualidade da carne.

A metodologia de classificação de carcaças foi estruturada após a publicação do Método Brasileiro de Classificação de Carcaças (MBCC) pela

Associação Brasileira de Criadores de Suínos (ABCS, 1973). O método consiste em medir a meia-carcaça esquerda do suíno em vários pontos quanto à espessura do toucinho, área de olho de lombo (músculo *Longissimus dorsi*), comprimento da carcaça e peso do pernil. (Fernandes, 2002). As medidas do MBCC apresentam correlações favoráveis com o rendimento de carne (Almeida Neto et al., 1993).

Através do MBCC, que pode definir a qualidade da carcaça, são obtidas as medidas de comprimento e rendimento de carcaça, espessura de toucinho, rendimento de pernil e área de olho de lombo.

No Brasil, o pagamento com base na tipificação e bonificação de carcaças em abatedouros de suínos foi implantado em 1982 e, a partir da década de 90, o sistema foi adotado por diversas unidades (Irgang, 1997).

De acordo com Schneider (1978), Johnson (1981), Catalan (1986) e McLaren et al. (1987), características de carcaça apresentam alta variância genética aditiva, o que possibilita o uso da seleção como um dos meios eficazes de se fazer o melhoramento destas características.

## **2.2 Genes de Efeito Principal**

Algumas características, como cor da pelagem, são qualitativas (controladas por um ou poucos genes e sofrem pouca influência do meio ambiente). A maioria das características de importância econômica, no entanto, são quantitativas (afetadas por poligênes, isto é, grande nº de genes cada qual contribuindo com um pequeno efeito para a manifestação do fenótipo e sofrem grande influência do meio ambiente).

Em contraste a essa pressuposição, Lande (1981) encontrou evidências de que algumas características quantitativas podem ser influenciadas por um pequeno número de genes que têm efeito relativamente importante na

manifestação do fenótipo, os chamados genes de efeito principal (GEPs) ou *major genes* (Figura 1).

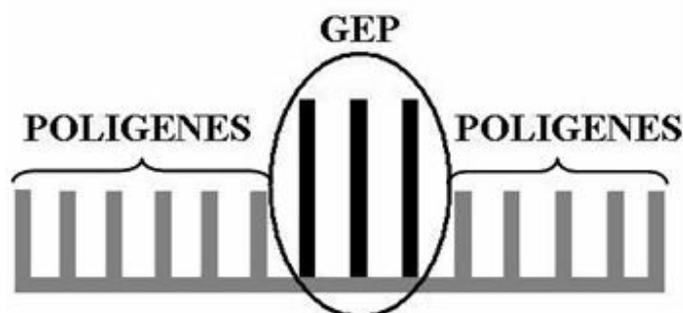


Figura 1 – Esquema do efeito de poligenes e de genes de efeito principal (GEP) sobre características quantitativas.

Estimativas do número de genes que contribuem com a variância de características quantitativas são fundamentais para a elaboração de bons programas de melhoramento.

O valor genotípico de uma característica poligênica pode ser modelado considerando que esta é controlada por um número infinito de locos, assumindo uma distribuição contínua através do ajuste de um Modelo Poligênico Infinitesimal (MPI), conforme Fisher (1918) ou tendo uma distribuição discreta, presumindo um número finito de locos, usando um Modelo Poligênico Finito (MPF), segundo Thompson & Skolnick (1977); Fernando et al. (1994) e Lange (1997).

Fisher em 1918 introduziu o MPI supondo que as características são determinadas por alelos de locos diferentes e que o efeito de cada loco é pequeno. O MPI exige duas importantes pressuposições: (1) as características

seguem uma distribuição normal; (2) o relacionamento entre as características é linear. O MPI tem sido usado com sucesso em melhoramento animal e provado ser robusto para se prever resposta à seleção em programas de melhoramento (Martinez et al., 2000). Já o MPF permite a inclusão de efeitos genéticos não-aditivos, como dominância e epistasia, o que é difícil de ser feito no MPI por razões metodológicas e computacionais (De Boer & Hoeschele, 1993).

### **2.3 Estimação de Parâmetros Genéticos**

Os parâmetros genéticos são à base do conhecimento das propriedades genéticas da população, sendo obtidos através dos componentes de variância.

Os parâmetros (constituídos pelas suas medidas básicas, média e variância) caracterizam uma população, e como afirma Silva (1982), devido ao fato de que as populações reais são geralmente muito grandes para que seja possível medirem-se seus parâmetros, os melhoristas trabalham com amostras. Uma importante qualidade dessas amostras aleatórias é que as suas médias e variâncias são estimativas das verdadeiras médias e variâncias da população (parâmetros) sendo tão próximas a estas quanto possível.

Para a predição de ganhos genéticos e melhor escolha dos animais na seleção, é essencial a obtenção de estimativas acuradas de parâmetros genéticos. A obtenção dessas estimativas acuradas depende da acurácia das estimativas dos componentes de variância, a qual, por sua vez, depende do conjunto de dados de que se dispõe para analisar, além do método estatístico e do modelo utilizado (Eler, 1994).

Dentre os parâmetros genéticos, a herdabilidade ( $h^2$ ) é um dos parâmetros de maior interesse, sendo esta a fração da variância fenotípica total que é devida à variação dos valores genéticos aditivos (variância aditiva). Ela é uma indicação da precisão de quanto os valores fenotípicos representam os valores genotípicos dos indivíduos. Quando a estimativa da herdabilidade é alta,

significa que a observação do fenótipo constitui indicação segura do valor genético do indivíduo.

O conhecimento da herdabilidade é necessário para se determinar quanto da superioridade dos indivíduos selecionados pode ser transmitida para seus descendentes.

Os valores da herdabilidade podem variar de acordo com o meio ambiente, a homogeneidade da população, a natureza genética da característica, o método de estimação dentre outros. Isso mostra que a herdabilidade não é apenas uma propriedade da característica, mas também da população e do ambiente em que ela é estimada (Roso et al., 1995). Portanto, é recomendado que ela seja estimada diretamente na população a ser melhorada.

Resultados obtidos na literatura mostram que geralmente as características de carcaça apresentam estimativas elevadas de herdabilidade já que a maioria dessas características é controlada por genes de efeitos aditivos e possuem, portanto, maiores valores para a variância genética aditiva. A seleção individual, neste caso, pode ser usada como um método eficiente de melhoramento (Almeida Neto et al., 1993).

Na Tabela 1 são apresentadas algumas estimativas de herdabilidade de características de carcaça encontradas na literatura.

TABELA 1 – Estimativas de herdabilidade para algumas características de carcaças de suínos Large White estudadas.

CARACTERÍSTICAS	N <sup>a</sup>	PESO <sup>b</sup>	MÉTODO <sup>c</sup>	h <sup>2</sup>	AUTORES
<b>Rendimento</b>	312	90	LS	0,19	Almeida Neto et al. (1993)
<b>de carcaça</b>	584	95	MTDF	0,39	Fernandez Giné et al. (2004)
<b>Comprimento</b>	4978	100	LS	0,63	Catalan (1986)
<b>de carcaça</b>	312	90	LS	0,13	Almeida Neto et al. (1993)
<b>(método</b>	584	95	MTDF	0,34	Fernandez Giné et al. (2004)
<b>brasileiro)</b>	1256	90	REML	0,56	Hicks et al (1998)
<b>Rendimento</b>	4978	100	LS	0,82	Catalan (1986)
<b>de</b>	584	95	MTDF	0,12	Fernandez Giné et al. (2004)
<b>pernil</b>	412	90	REML	0,15	Collao Saenz (1994)
<b>Espessura</b>	312	90	LS	0,48	Almeida Neto et al. (1993)
<b>de toucinho</b>	412	90	REML	0,13	Collao Saenz (1994)
<b>média</b>	584	95	MTDF	0,17	Fernandez Giné et al. (2004)
<b>Área</b>	312	90	LS	0,23	Almeida Neto et al. (1993)
<b>de olho</b>	1256	90	REML	0,65	Hicks et al (1998)
<b>de lombo</b>	684	95	MTDF	0,36	Fernandez Giné et al. (2004)
<b>Relação</b>	312	90	LS	0,27	Almeida Neto et al. (1993)
<b>carne:gordura</b>	412	90	REML	0,15	Collao Saenz (1994)
<b>Porcentagem de</b>	312	90	LS	0,22	Almeida Neto et al. (1993)
<b>cortes magros</b>	412	90	REML	0,21	Collao Saenz (1994)
<b>Porcentagem</b>	312	90	LS	0,36	Almeida Neto et al. (1993)
<b>de</b>	684	95	MTDF	0,45	Fernandez Giné et al. (2004)
<b>carne</b>	383	100	REML	0,60	Larzul et al (1997)
<b>Porcentagem</b>	312	90	LS	0,66	Almeida Neto et al. (1993)
<b>de gordura</b>	412	90	REML	0,23	Collao Saenz (1994)
<b>Taxa de crescimento em</b>	515	95	MTDF	0,37	Fernandez Giné et al. (2004)
<b>músculo</b>	383	100	REML	0,75	Larzul et al (1997)

<sup>a</sup> número de dados utilizados;

<sup>b</sup> peso ao abate (kg);

<sup>c</sup> LS = quadrados mínimos; MTDF = máxima verossimilhança restrita livre de derivada; REML = máxima verossimilhança restrita.

## 2.4 Métodos de Estimação

A estimação dos componentes de variância pode ser feita por diferentes métodos que vêm evoluindo à medida que novas teorias e técnicas computacionais são desenvolvidas, juntamente com a maior capacidade e velocidade dos computadores (Fernandez Giné, 2004).

Uma das primeiras técnicas de estimação de parâmetros genéticos é chamada de método dos Quadrados Mínimos (LS), foi descrita na década de 1930, mas apresenta algumas restrições. Se o conjunto de dados for desbalanceado ou possuir indivíduos sem observações, alguns valores poderão ser sub ou superestimados. Essa técnica também não leva em consideração todas as informações ou efeitos que possam atuar sobre o indivíduo (Cobucci et al., 1997).

Henderson (1953) descreveu a metodologia dos Modelos Mistos para a melhor predição linear não viesada e esse trabalho foi considerado um marco para a estimação dos componentes de variância. Apesar de ter sido bastante utilizada, essa metodologia pressupõe que não ocorre nenhuma alteração na média dos valores genéticos, o que não é verdade para a maioria dos conjuntos de dados utilizados, já que eles são oriundos de programas de melhoramento (Torres Jr. et al., 1998).

Já o método da Máxima Verossimilhança (ML) fornece estimativas não-viesadas dos componentes de variância quando ocorre a seleção. Mas esse método não reconhece a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo, podendo levar a uma subestimação da variância do erro, tornando assim os estimadores viciados.

Para corrigir esse problema, Patterson & Thompson em 1971 introduziram o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e seus estimadores são obtidos da maximização apenas da parte independente dos efeitos fixos. Diversos algoritmos REML têm sido usados em dados de

melhoramento, a maioria são iterativos e requerem repetição da formação e manipulação das equações dos modelos mistos (Boldman & Van Vleck, 1991).

Uma alternativa menos onerosa em termos computacionais são os algoritmos livres de derivadas, componentes da técnica DFREML (Método de Máxima Verossimilhança Restrita Livre da Derivação da Função Densidade de Probabilidade) propostos por Smith & Graser (1986).

## **2.5 Inferência Bayesiana**

A Escola Bayesiana, fundada na prática por volta do início do século XVIII, se manteve ofuscada na década de vinte do século XX, pelos trabalhos de Fisher bem como por posteriores trabalhos na escola frequentista. No entanto, sua “redescoberta” pela comunidade científica teve início nos anos sessenta e sua difusão vem crescendo desde então (Medeiros, 2005).

A teoria Bayesiana é fundamentada nos trabalhos desenvolvidos por Thomas Bayes em 1761, porém esses trabalhos só foram publicados em 1763, dois anos após sua morte. A análise Bayesiana oferece importantes opções no ajuste de modelos matemático-estatísticos complexos contendo muitos parâmetros desconhecidos.

Gianola & Fernando (1986) propuseram pela primeira vez o uso da inferência Bayesiana na área de melhoramento genético animal.

Uma característica favorável da inferência bayesiana é a possibilidade de utilização de informação prévia, adquirida antes da obtenção dos dados. Esta é incluída na análise através do fornecimento de uma distribuição *a priori* dos parâmetros a serem analisados, juntamente com uma expressão de incerteza a respeito da mesma, antes da observação dos dados. A informação *a priori* é a opinião, crença pessoal, que pode ser derivada de análises prévias dos dados ou de considerações teóricas. Sua influência sobre a distribuição *a posteriori* (após a análise dos dados) se dará através da função de verossimilhança, a qual

conectará a *priori* à *posteriori*, usando para isto os dados do experimento e também considerando a expressão de incerteza do pesquisador na distribuição inicial fornecida (Resende, 2000).

O Amostrador de Gibbs é um método de simulação de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) que pode ser utilizado para viabilização da estimação bayesiana. Tais métodos são algoritmos destinados à solução de problemas práticos relacionados à integração numérica da função densidade de probabilidade, impossíveis de serem solucionados por métodos analíticos tradicionais (Resende, 2000).

Na simulação MCMC, o amostrador de Gibbs é usado para obter amostras das distribuições marginais das variáveis aleatórias. Ele trabalha com processos de aproximação, por meio de amostragem, de valores esperados para cada parâmetro desconhecido no modelo. O ciclo para a geração de cada parâmetro é então repetido, atualizando dessa forma as distribuições condicionais. Eventualmente a amostragem converge para uma distribuição estacionária (em equilíbrio) e os valores amostrados após a convergência são considerados amostras aleatórias da distribuição *a posteriori* (Van Tassel e Van Vleck, 1996). À medida que o número de iterações aumenta, a cadeia se aproxima da condição de equilíbrio. Estas distribuições são usadas para estimar os valores dos parâmetros.

Normalmente a amostragem inicial, baseada na distribuição *a priori* fornecida, ocorre fora da distribuição real dos parâmetros. Por isso, um número significativo de iterações deve ser descartado antes da retirada das amostras a serem consideradas na inferência. Este período de descarte inicial é chamado de *burn-in*, e tem por objetivo fazer com que o amostrador se distancie do *prior* e atinja uma distribuição estacionária do parâmetro (Van Tassell & Van Vleck, 1995).

Amostras sucessivas são correlacionadas entre si, de forma que se torna necessário descartar várias iterações entre cada duas amostras a serem consideradas. Como o processo é Markoviano, a dependência diminui com o aumento da distância entre as iterações, obtendo-se assim independência entre as amostras salvas (Resende, 2000).

Em geral, amostras muito grandes (10000 observações ou mais) são necessárias para a obtenção de resultados que não sejam dependentes dos valores iniciais (Hoeschele, 1991). A Amostragem de Gibbs na inferência bayesiana vem sendo utilizada em várias áreas do melhoramento animal, conforme descrito por Sorensen et al. (1994); Van Tassel et al. (1995); Van Tassel & Van Vleck (1996).

Um método Bayesiano foi apresentado por Bink et al. (2002b), para estudar a arquitetura genética de características quantitativas múltiplas, por meio de modelos poligênicos finitos (MPF), e alguns destes modelos foram combinados com modelo infinitesimal (MPI).

### **3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 Dados**

Os dados para este trabalho foram coletados durante o período de maio de 1997 a março de 2000, em suínos da raça Large White provindos do setor de Suinocultura do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), situada no município de Lavras, na região sul do Estado de Minas Gerais.

Foram avaliados 711 suínos (371 machos castrados e 340 fêmeas) da raça Large White, oriundos do acasalamento ao acaso de 12 cachacos e 46 matrizes do rebanho da UFLA. Os animais foram criados desde o nascimento em regime intensivo com água e ração a vontade. As rações foram formuladas para atender as exigências nutricionais dos animais, segundo as recomendações de Rostagno et al. (1994).

#### **3.2 Classificação e Dissecção das Carcaças**

Os animais foram abatidos ao atingirem, em média, 95kg de peso vivo, antes do abate os animais foram submetidos a jejum de 24 horas sem ração e 12 horas sem água e foram pesados.

Suas meias-carcaças esquerdas, após resfriamento em câmara fria à temperatura de 2 a 4°C por 24 horas, foram pesadas e classificadas segundo o Método Brasileiro de Classificação de Carcaças descrito pela ABCS (1973). Além disso, foram tomadas as medidas de comprimento de carcaça pelo método americano (CCMA) conforme Boggs & Merkel (1979) e espessura de Toucinho a 6,5cm da linha dorsal na altura da última costela (P<sub>2</sub>) de acordo com Cuthbertson & Pease (1968). A seguir, as carcaças foram dissecadas de acordo

com a técnica de Cuthbertson (1968), modificada por Almeida Neto et al., (1993).

### 3.3 Características Analisadas

Foram analisadas características de classificação de carcaça, de dissecação e a taxa de crescimento em músculo.

#### 3.3.1 Características de Classificação

- **Rendimento de Carcaça (RC):** peso da carcaça quente como percentual do peso de abate.
- **Comprimento de Carcaça pelo Método Brasileiro (CCMB):** medido do bordo cranial da sínfise pubiana até o bordo crânio-ventral do atlas.
- **Comprimento de Carcaça pelo Método Americano (CCMA):** medido do bordo cranial da primeira costela até o bordo cranial da sínfise pubiana.
- **Espessura de Toucinho Média (ETM):** média das espessuras de toucinho medidas na primeira e última costela, e na última vértebra lombar, de acordo com o MBCC.
- **Espessura de Toucinho a 6,5cm da linha dorsal, à altura da última costela (P<sub>2</sub>).**
- **Área de Olho de Lombo (AOL):** área do corte transversal do lombo à altura da última costela.
- **Relação Carne:Gordura (RCG):** medida obtida dividindo a área de gordura pela área de olho de lombo à altura da última costela.
- **Rendimento de Pernil (RP):** peso do pernil segundo o MBCC como percentual do peso da meia carcaça esquerda fria.

#### 3.3.2 Características de Dissecação

- **Porcentagem de Carne (PC):** peso da carne como percentual do peso da meia carcaça esquerda fria.
- **Porcentagem de Gordura (PG):** peso da gordura como percentual do peso da meia carcaça esquerda fria.
- **Porcentagem de Cortes Magros (PCM):** somatório das partes de carne e ossos da paleta, costado e pernil em relação ao peso da meia carcaça esquerda fria.
- **Relação Gordura:Carne (RGC):** relação entre o peso da gordura e o peso da carne.

**3.3.3 Taxa de Crescimento em Músculo (TCM):** mede a quantidade de músculo depositado por dia pelo animal durante o período da recria até o abate. Foi proposta por Fowler et al. (1976) pela seguinte equação:

$$TCM = \frac{MF - MI}{PE} \quad (1)$$

Em que:

MF é o peso do músculo ao abate;

MI é o peso do músculo no início da fase de crescimento;

PE é o período transcorrido, em dias, desde o início da fase de crescimento até o abate.

As estimativas de MF e MI são dadas por:

$$MF = \text{Peso ao abate} \times RC \times RF \times PC \times 10^{-6} \quad (2)$$

Em que:

RF é o rendimento da frigorificação (peso da meia carcaça esquerda fria como percentagem do peso da meia carcaça quente);

MI é dado pela fórmula  $MI = -1,59 + (0,44 \times \text{peso ao início da fase de crescimento})$ , segundo Brannaman et al. (1984).

O peso ao início da fase de crescimento foi tomado quando os animais atingiram aproximadamente 30kg.

### 3.4 Modelos Ajustados

Foram efetuadas análises univariadas para todas as características avaliadas.

Para descrever as observações em termos matriciais foram utilizados os seguintes modelos lineares mistos poligênicos:

a) Modelo Poligênico Infinitesimal (MPI):

Assumiu-se um efeito poligênico com grande número de locos e nenhum gene com efeito principal.

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{W} \underset{\sim}{u} + \underset{\sim}{e} \quad (3)$$

Em que:

$\underset{\sim}{y}$  é o vetor das observações;

$\underset{\sim}{X}$  é a matriz de incidência dos efeitos não-genéticos, conecta os fenótipos aos efeitos não genéticos;

$\underset{\sim}{\beta}$  é um vetor contendo a média geral ( $\mu$ ) e todos os efeitos não-genéticos afetando as características de interesse: grupo de contemporâneo (mês e dia de

abate) o qual é NID  $(0, \sigma_{ge}^2)$ , classes de peso de abate o qual é NID  $(0, \sigma_{cpa}^2)$  e classes de peso da carcaça fria também NID  $(0, \sigma_{cpct}^2)$ ;

$W$  é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos diretos, conecta os fenótipos aos poligenes;

$u$  é o vetor dos efeitos aleatórios dos valores genéticos diretos do animal, NID  $(0, A\sigma_u^2)$ , contém os efeitos poligênicos dos indivíduos, é computado aqui os efeitos de vários genes com efeito infinitesimal que não é explicado pelo GEP;

$e$  é o vetor dos erros associados a cada observação, NID  $(0, \sigma_e^2)$ .

b) Modelo Poligênico Finito (MPF):

Para se ajustar um número finito de locos poligênicos (cinco), não ligados a marcadores moleculares, os quais descrevem a covariância genética entre os membros do pedigree, a estimativa dos componentes de variância foi feita utilizando o modelo:

$$y = X\beta + \sum_K^{N_{GEP}} Z_{GEP} \alpha_{GEP,k} + e \quad (4)$$

Em que:

Os efeitos  $y$ ,  $X$ ,  $\beta$  e  $e$  são os mesmos, como definidos no modelo (3);

$Z_{GEP}$  é uma matriz de incidência que conecta as informações fenotípicas ao GEP. É tipicamente não conhecida, uma vez que os genótipos dos indivíduos não são conhecidos. Entretanto, esta matriz pode ser inferida a partir do pedigree e fenótipo. É assumido que o GEP seja bialélico permitindo três genótipos distintos (AA, Aa e aa) e tendo valores genotípicos iguais a  $+\alpha$ ,  $\delta$  e  $-\alpha$ , respectivamente. As variáveis  $\alpha$  e  $\delta$  representam os efeitos aditivos e de

dominância de um único gene. A dimensão da matriz  $Z$  depende do número de GEPs no modelo;

$N_{GEP}$  é o número de genes de efeito principal. Este número é considerado uma variável aleatória e se faz inferência sobre sua distribuição a partir dos dados analisados;

$\alpha_{GEP,k}$  é um vetor bidimensional  $[a_k \ d_k]'$  para o  $k$ ésimo gene de efeito principal (GEP), isto é, aqui foram ajustados os efeitos aditivos (a) e de dominância (d).

c) Modelo Poligênico Infinitesimal (MPI) combinado com Modelo Poligênico Finito (MPF):

$$\tilde{y} = X \tilde{\beta} + W \tilde{u} + \sum_K^{N_{GEP}} Z_{GEP} \alpha_{GEP,k} + \tilde{e} \quad (5)$$

Em que todos os efeitos são definidos como anteriormente nos modelos (3 e 4).

### 3.5 Estimação dos parâmetros estudados por Inferência Bayesiana

Considerando  $p(\theta, y)$  como a probabilidade conjunta dos parâmetros do modelo ( $\theta$ ) e dos dados ( $y$ ) (verossimilhança). Os termos  $p(y)$  e  $p(\theta)$  representam a distribuição marginal dos dados e do conjunto dos parâmetros, respectivamente.  $p(\theta | y)$  e  $p(y | \theta)$  representam, respectivamente, a distribuição condicional dos parâmetros dado os dados e a distribuição dos dados dado os parâmetros. Assim, a distribuição da probabilidade conjunta de  $\theta$  e  $y$  é:

$$p(\theta, y) = p(y)p(\theta | y) \quad (6)$$

$$p(\theta, y) = p(\theta)p(y | \theta) \quad (7)$$

A combinação de (6) e (7) leva a  $p(\theta | y) = p(\theta)p(y | \theta) / p(y)$ . A distribuição marginal dos dados,  $p(y)$  após a observação dos dados é uma constante fixa e a distribuição condicional se torna proporcional a

$$p(\theta | y) \propto p(\theta)p(y | \theta) \quad (8)$$

Essa equação (8) é conhecida como Teorema de Bayes (Bayes, 1763) no qual a probabilidade a *posteriori* é proporcional ao produto da probabilidade a *priori* com a verossimilhança dos dados.

### 3.6 Diagnóstico de convergência

Há basicamente três diferentes estratégias que podem ser seguidas após terem sido geradas as amostras via Amostrador de Gibbs. Estas estratégias podem afetar o grau de correlação entre as amostras geradas. Isso influencia a estimação da variância de Monte Carlo da cadeia e sua taxa de convergência.

Na prática a convergência é demonstrada graficamente ou usando um teste formal. Há um número de critérios que tem sido sugerido como diagnóstico de convergência. A maioria deles se não todos, pode fornecer evidências negativas que o número de ciclos implementados não foi suficiente. Porém, até o momento não é possível encontrar uma garantia empírica e positiva que a cadeia seja longa o suficiente. O amostrador de Gibbs pode gerar muitas iterações para uma certa região dando a impressão de convergência, e então passa para uma outra região. Além disso, as amostras geradas podem fornecer a impressão que a convergência foi atingida, embora a distribuição a *posteriori* seja imprópria. É

desnecessário dizer que isto é um problema sério, porque inferências a partir de distribuições impróprias são sem sentido.

Em geral, é aconselhável gerar cadeias muito longas para poder conseguir a convergência.

Estimativas de alguns parâmetros das distribuições a *posteriori* estão sujeitas a erros de amostragem de Monte Carlo, os quais podem ser reduzidos por meio do alongamento das cadeias. As variâncias de Monte Carlo podem ser computadas usando séries temporais.

Considerando  $n$  amostras (possivelmente correlacionadas) a partir da Cadeia de Markov  $X_1, X_2, \dots, X_n$ . Os  $X$ 's podem representar as amostras da distribuição marginal a *posteriori* dos valores genéticos aditivos, das variâncias

genética aditiva ou uma função delas. Um estimador da média é:  $\hat{u} = \sum_{i=1}^{i=n} x_i$ . O

estimador da variância de Monte Carlo de  $\hat{u}$ ,  $\text{var}(\hat{u})$ , baseado em séries temporais e obtido a seguir. O estimador da lag- $t$  autocovariância é:

$$\hat{\gamma}(t) = \frac{\sum_{i=1}^{i=n-1} [(x_i - \hat{u})(x_{i+t} - \hat{u})]}{n}. \text{ Então, } \text{var}(\hat{u}) = \frac{[\hat{\gamma}(\phi) + 2 \sum_{i=1}^{i=2\delta+1} \hat{\gamma}(i)]}{n} \text{ em que } \delta$$

é escolhido de forma que seja um maior valor inteiro satisfazendo  $[\hat{\gamma}(2\delta) + \hat{\gamma}(2\delta+1)] > 0$ ,  $\delta=0, 1, \dots$ . Se as amostras forem independentes,  $\text{var}(\hat{u}) = \hat{\gamma}(\phi)/n$ .

Uma idéia do efeito da autocorrelação dos valores gerados pelo amostrador de Gibbs pode ser obtida através do cálculo do tamanho efetivo da cadeia

$$\hat{\psi} = \frac{\hat{\gamma}(\phi)}{\text{var}(\hat{u})}. \text{ Quando os elementos da cadeia de Gibbs são independentes,}$$

$\hat{\psi} = n$ , o tamanho efetivo da cadeia (verdadeiro) e gerado são iguais.

### 3.7 Número de GEP

O número de GEPs é tratado como variável aleatória, similar ao que foi feito nos trabalhos de Fisch et al. (1996), Heath (1997), Sillanpää & Arjas (1998), Uimari & Sillanpää (2001) e Bink et al. (2002a), para facilitar o uso do *Reversible Jump Sampler* (Green, 1995; Waagepetersen & Sorensen, 2001). A frequência alélica do alelo A ( $f_\alpha$ ) pode assumir qualquer valor entre 0 e 1 com iguais probabilidades *a priori*.

### 3.8 Distribuições adotadas *a priori*

Para as variáveis não genéticas, sexo, grupo de contemporâneo (mês e ano), peso de abate e peso da carcaça fria, foi assumido *a priori* que as mesmas seguem uma distribuição normal. A variância dessa distribuição Normal é desconhecida e segue uma distribuição Qui-Quadrado ( $\chi^2$ ) escalonada invertida. (Sorensen & Gianola, 2002). No caso da média geral, a média da distribuição

Normal foi dependente dos dados,  $\hat{\mu} = y = \frac{1}{n} \sum_i^n y_i$ .

A distribuição *a priori* para a variância do erro ( $\sigma_e^2$ ) segue uma distribuição Qui-Quadrado ( $\chi^2$ ) escalonada invertida. Sendo A a matriz da relação genética aditiva dado o conhecimento do pedigree dos animais, então a distribuição *a priori* para os efeitos poligênicos pode ser dada por:

$$u | A\sigma_u^2 \sim N(0, A\sigma_u^2) \quad (10)$$

Em que ( $\sigma_u^2$ ) é a variância genética aditiva com distribuição Qui-Quadrado ( $\chi^2$ ) escalonada invertida. Os efeitos aditivos e de dominância do GEP seguem uma distribuição Normal univariada, onde a variância é dependente do conjunto de dados e do número de GEPs no modelo, como proposto por Yi

(2004) e Yi et al. (2005). Considerando  $\hat{\sigma}_y^2 = \frac{1}{n} \sum_i^n (y_i - \bar{y})^2$  como a estimativa da variância fenotípica da característica, então:

$$p(\alpha) \sim N(0, \sigma_{\alpha(N_{GEP})}^2) \quad (11)$$

Em que  $\sigma_{\alpha(N_{GEP})}^2 = \sigma_\alpha^2 / N_{GEP}$  e  $\sigma_\alpha^2 / (2x\hat{\sigma}_y^2) \sim \beta(2,10)$ . Isso implica que a variância da distribuição Normal diminui à medida que o número de genes no modelo aumenta e vice-versa.

Considerou-se o número de GEP ( $N_{GEP}$ ) como sendo uma variável aleatória e sua distribuição foi inferida através dos dados (*Reversible Jump Sampler - Metropolis-Hastings*). Presumiu-se a distribuição de Poisson (truncada) com média  $\lambda$  com um máximo predefinido ( $N_{GEP} = 5$ ) para os modelos 4 e 5.

A variância explicada por todos os GEPs é calculada como:

$$\sum_j^{N_{GEP}} 2(f_{\alpha_j}(1 - f_{\alpha_j})\alpha_j^2) \quad (12)$$

Em que é assumido que a população fundadora está em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Falconer, 1989).

### 3.9 Distribuição conjunta a posteriori

Considerando  $P$  como as informações de pedigree e  $\theta = (\beta, u, \alpha_{GEP}, \sigma_e^2)$ , então a distribuição conjunta a posteriori dos efeitos desconhecidos pode ser escrita como (omitindo as matrizes  $X$  e  $Z$ ):

$$\underbrace{p(\theta, f_\alpha, N_{GEP}, Z | y, P)}_{1^\circ} \propto \underbrace{p(y | \theta, Z)}_{2^\circ} \underbrace{p(Z | f_\alpha, N_{GEP}, P) p(\theta, N_{GEP})}_{3^\circ} \quad (13)$$

Em que o primeiro termo é a distribuição condicional do fenótipo dado todos os termos desconhecidos do modelo 5, o segundo termo é a distribuição de probabilidades dos genótipos dos GEPs condicional ao número de GEPs, a frequência alélica e as informações de pedigree e o terceiro termo é a distribuição de probabilidade conjunta *a priori* das variáveis do modelo.

### 3.10 Análises computacionais *a posteriori*

Uma vez que esta distribuição não possui forma padrão conhecida, amostras marginais desta distribuição foram geradas pelo método de Monte Carlo por via da Cadeia de Markov (MCMC) (Gilks et al., 1996). Na simulação MCMC, o amostrador de Gibbs foi usado para obter amostras das distribuições marginais das variáveis aleatórias. O  $N_{GEP}$  foi adicionado como variável não conhecida via algoritmo *Reversible Jump Sampler (Metropolis-Hastings)* descrito por Green (1995). Isto permite mudanças na dimensão do modelo, isto é, aumento ou diminuição dos números de GEPs. As probabilidades propostas para um aumento ou um decréscimo foi igual a 0 e 0,40 em um dado ciclo na cadeia de Markov, se não há aumento ou diminuição, foi proposto que todas as variáveis no modelo foram atualizadas.

Foram executados 1500000 ciclos do amostrador de Gibbs. Em cada análise MCMC, considerando uma única cadeia de Markov, o período de descarte amostral adotado (*burn-in*), que é o número de ciclos que deve ser descartado antes que as amostras produzidas pelo Amostrador de Gibbs possam ser consideradas amostras da distribuição *a posteriori*, foi de 150 mil ciclos (amostras). O intervalo de utilização amostral foi de 10 ciclos, visto que as

amostras consecutivas podem ser altamente correlacionadas. Foram aproveitadas 135 mil amostras das distribuições *a posteriori* dos parâmetros.

Para o uso desta metodologia empregou-se o pacote computacional FlexQTL<sup>TM</sup> desenvolvido por Bink et al. (2002a), a partir dos estudos descritos por Uimari & Sillanpää (2001).

### **3.11 Amostragem dos genótipos dos genes no MPF**

Os genótipos para um loco foram determinados conjuntamente através dos alelos da população fundadora (com pais desconhecidos) e por indicadores de segregação de indivíduos não-fundadores (com pais conhecidos), com os locos da população fundadora em equilíbrio de ligação e Hardy-Weinberg. (Lange & Matthysse, 1989; Thompson, 1994; Sobel & Lange, 1996). Os indicadores de segregação descrevem unicamente o fluxo gênico através do pedigree e a implementação foi similar à descrita por Uimari & Sillanpää (2001) e Bink et al. (2002a).

### **3.12 Inferências *a posteriori* e seleção do modelo**

As inferências obtidas da distribuição conjunta *a posteriori* são usadas para calcular distribuições marginais *a posteriori* das variáveis de interesse. Estas inferências podem ser usadas para se calcular estimativas pontuais como média, moda e desvio padrão.

A análise Bayesiana oferece a habilidade para utilizar dados contendo estrutura desbalanceada e para estudar a seleção de modelos complexos. O número da seleção de modelos irá depender da qualidade e quantidade de informações (dados) disponíveis, na ausência dessas, a inferência *a posteriori* será reflexo dos conhecimentos *a priori*. Neste trabalho usamos os fatores de Bayes (Kass, 1993 e Kass & Raftery, 1995) como uma evidência provinda das informações analisadas para diferentes números de GEP (0 a 5) (Tabela 2).

O fator de Bayes corresponde à relação das probabilidades do número de locus influenciando uma característica em questão (exemplo: razão das probabilidades de um e dois locus influenciando a característica, o resultado positivo confirma a evidência do número de locus correspondente ao numerador, se negativo, o denominador é o número de locus responsável pela variação na característica).

TABELA 2 – Interpretação dos fatores de Bayes similar a (Kass & Raftery, 1995).

<b>2ln<sup>1</sup> (Fator de Bayes)</b>	<b>Evidência Contra o Modelo<sup>2</sup></b>
<b>0,0 – 2,0</b>	<b>Baixo</b>
<b>2,0 – 5,0</b>	<b>Positivo</b>
<b>5,0 – 10,0</b>	<b>Forte</b>
<b>&gt;10,0</b>	<b>Decisivo</b>

<sup>1</sup>Duas vezes o logaritmo natural (2ln) de um Fator de Bayes é semelhante ao teste estatístico de razão de verossimilhança.

<sup>2</sup>modelo considerando nenhum GEP.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Estatística descritiva

A base de dados utilizada nesse trabalho foi a mesma utilizada por Fernandez Giné em 2002 quando estimou parâmetros genéticos através do programa MTDFREML.

Na Tabela 3 são apresentadas as médias, erros-padrões, medianas, modas, variâncias e coeficientes de variação das características estudadas.

Os animais avaliados apresentaram valores elevados de  $P_2$  e ETM quando comparados com os valores observados por Brazão (1997), Barbosa et al. (2005) e Pires et al. (2006) utilizando animais de outras raças. Com base nesses resultados, os animais avaliados apresentavam alta porcentagem de gordura na carcaça, o que pode ser explicado pela reduzida seleção para essas características.

As demais características apresentaram valores médios dentro dos limites encontrados na literatura. Mas para CCMB, CCMA e AOL os valores médios encontrados foram ligeiramente mais elevados dos que os encontrados por Barbosa et al. (2005) e Pires et al. (2006).

Características com baixos valores de média (RCG, RGC e TCM) normalmente apresentam altos valores de CV, mas algumas características com médias elevadas (ETM,  $P_2$ , AOL e PG) apresentaram CV elevados, provavelmente devido à própria mensuração das características bem como terem sido mensuradas em períodos e por pessoas diferentes.

TABELA 3 – Número de observações (n), médias, erros-padrões, medianas, modas, coeficientes de variação (CV) e variâncias das características estudadas<sup>1</sup>.

Característica <sup>1</sup>	n	MÉDIA	ERRO PADRÃO	MEDIANA	MODA	VARIÂNCIA	CV
<b>RC (%)</b>	704	81,29	0,10	81,65	80,00	7,63	3,39
<b>CCMB (cm)</b>	702	93,21	0,12	93,00	91,00	9,92	3,38
<b>CCMA (cm)</b>	701	78,22	0,11	78,00	78,00	8,22	3,67
<b>ETM (mm)</b>	703	35,37	0,19	35,63	37,00	25,23	14,19
<b>P<sub>2</sub> (mm)</b>	698	24,87	0,26	24,40	25,00	48,52	27,98
<b>RP (%)</b>	695	30,64	0,07	30,81	30,40	3,27	5,91
<b>AOL (cm<sup>2</sup>)</b>	702	31,96	0,17	31,40	28,10	21,41	14,49
<b>RCG</b>	702	0,78	0,01	0,77	0,62	0,03	23,07
<b>PC (%)</b>	703	50,32	0,12	50,48	51,50	10,24	6,36
<b>PG (%)</b>	703	27,62	0,13	27,55	25,54	12,04	12,56
<b>PCM(%)</b>	703	50,28	0,12	50,19	48,16	9,97	6,28
<b>RGC</b>	703	0,55	0,004	0,55	0,50	0,01	18,18
<b>TCM(kg/dia)</b>	530	0,32	0,003	0,32	0,34	0,005	21,87

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

#### 4.2 Tamanho efetivo da cadeia (TEC)

Na Tabela 4 estão apresentados os tamanhos efetivos das cadeias (TEC) quando foram ajustados os modelos MPF, MPI e o modelo combinado MPF + MPI. Valores acima de 100 (Marco Bink, comunicação pessoal) indicam que o tamanho da amostra foi suficiente para a estimação das variâncias genéticas a *posteriori* para as características estudadas. Observa-se então que para todas as

características as variâncias genéticas foram bem estimadas dado que os valores obtidos dos TEC foram altos, e assim obtido a convergência das cadeias. O que também pode ser confirmado ao se observar a convergência das variâncias nos Anexos (1A a 26A).

TABELA 4 – Tamanho efetivo da cadeia quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF), o modelo poligênico infinitesimal (MPI) e o modelo combinado (MPF + MPI).

<b>TAMANHO EFETIVO DA CADEIA</b>				
<b>Característica<sup>1</sup></b>	<b>MPF</b>	<b>MPI</b>	<b>MPF + MPI</b>	
<b>RC</b>	1504	2833	1326	2110
<b>CCMB</b>	9376	8760	3072	2329
<b>CCMA</b>	9659	5091	1611	1243
<b>ETM</b>	3397	4298	1937	2262
<b>P<sub>2</sub></b>	1536	4932	672	2365
<b>RP</b>	5269	5269	4039	2967
<b>AOL</b>	260	10303	292	912
<b>RCG</b>	5265	3504	3915	2879
<b>PC</b>	1567	5802	419	1269
<b>PG</b>	7275	9697	2075	3565
<b>PCM</b>	6168	11397	1621	2548
<b>RGC</b>	2578	5235	854	2099
<b>TCM</b>	3178	5706	37422	3884

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

#### 4.3 Genes de Efeito Principal (GEP)

Ao se analisar as probabilidades marginais *a posteriori* do número de genes de efeito principal (GEP) considerando o modelo poligênico finito (MPF) (Tabela 5), observa-se que a maioria das características analisadas neste estudo

são oligogênicas, isto é, são influenciadas por um ou dois genes. Evidência confirmada dado que as probabilidades a *posteriori* são maiores que as probabilidades a *priori*. Através dessas probabilidades é possível inferir sobre o número de locos responsáveis pela variação dessas características. Para as características RC, CCMB, CCMA, ETM, P<sub>2</sub>, RP, AOL, PCM e TCM foi detectada a influência de um ou dois locos. Observa-se que para as características CCMA, AOL e TCM, apresentam as mais altas probabilidades de que estas sejam influenciadas por apenas um locos (0,49; 0,52 e 0,65, respectivamente).

Entretanto, analisando apenas essas probabilidades não é suficiente para confirmar que as características estudadas são influenciadas por poucos genes. Com a finalidade de auxiliar na interpretação final dos resultados o fator de Bayes é utilizado, uma vez que duas vezes o logaritmo natural (2ln) do Fator de Bayes corresponde ao teste estatístico da razão de verossimilhança.

Portanto, ao ser observado a Tabela 6, confirma-se forte evidência de um único GEP sobre CCMA e uma evidência decisiva para AOL e TCM. Para RC e CCMB, as probabilidades de 0,41 e 0,36, respectivamente, indicam o efeito de dois GEPs, porém pela Tabela 6 observa-se efeito decisivo para RC (25) e forte para CCMB (7) para evidência de único GEP. P<sub>2</sub> e RP apresentaram maiores probabilidades (0,34 e 0,40) quando considerada a influência de um locos, o que foi confirmado ao ser observado o Fator de Bayes (Tabela 6), com valores de 2 e 3, respectivamente. Para ETM foi observada (Tabela 5) influência de dois locos (0,32), entretanto, ao ser observado a Tabela 6, há uma baixa evidência para ação de dois locos (2).

Na Tabela 5 observa-se que a característica RCG não é influenciada por nenhum GEP (0,38), o que pode ser confirmado na Tabela 6 (-0). Para RGC e PC há influência de três e quatro GEPs, respectivamente (Tabela 5). O Fator de

Bayes (Tabela 6) para PC (7) indica forte evidência de apenas dois GEPs, enquanto que para RGC o valor de 9 é uma forte evidência para um só GEP.

TABELA 5 – Probabilidades marginais *a posteriori* do número de GEPs para as características estudadas<sup>1</sup> considerando o modelo poligênico finito (MPF).

Modelo	MPF					
	GEP	0	1	2	3	4
<i>Priori</i>	<b>0,37</b>	<b>0,37</b>	<b>0,18</b>	<b>0,06</b>	<b>0,01</b>	<b>0</b>
Característica <sup>1</sup>	Probabilidades <i>a Posteriori</i>					
RC	0	0,30	<b>0,41</b>	0,24	0,04	0
CCMB	0,01	0,28	<b>0,36</b>	0,23	0,09	0,03
CCMA	0,03	<b>0,49</b>	0,33	0,11	0,02	0
ETM	0,14	0,28	<b>0,32</b>	0,18	0,06	0,02
P <sub>2</sub>	0,10	<b>0,34</b>	0,33	0,16	0,05	0,01
RP	0,08	<b>0,40</b>	0,33	0,14	0,04	0,01
AOL	0	<b>0,52</b>	0,33	0,12	0,03	0
RCG	<b>0,38</b>	0,35	0,18	0,06	0,02	0
PC	0	0	0,10	0,30	<b>0,33</b>	0,27
PG	0	0,07	0,28	<b>0,33</b>	0,21	0,10
PCM	0	0,14	<b>0,32</b>	0,30	0,17	0,07
RGC	0	0,01	0,17	<b>0,34</b>	0,30	0,17
TCM	0	<b>0,65</b>	0,27	0,07	0,01	0

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

Apesar das probabilidades *a posteriori* observadas (Tabela 5) para PG e PCM indicarem possível influência de três (0,33) e dois (0,32) GEPs, respectivamente, os Fatores de Bayes para essas características (Tabela 6), indicam que as mesmas são influenciadas apenas por um GEP, com evidência decisiva para PCM (12) e forte para PG (9).

TABELA 6 – Fator de Bayes<sup>a</sup> para as características estudadas<sup>1</sup> considerando modelo MPF.

Característica <sup>1</sup>	MPF				
	1/0 <sup>2</sup>	2/1	3/2	4/3	5/4
<b>RC</b>	<b>25</b>	2	1	-1	-2
<b>CCMB</b>	<b>7</b>	2	1	1	1
<b>CCMA</b>	<b>5</b>	1	-0	-0	-0
<b>ETM</b>	1	<b>2</b>	1	1	1
<b>P<sub>2</sub></b>	<b>2</b>	1	1	0	0
<b>RP</b>	<b>3</b>	1	0	0	0
<b>AOL</b>	<b>14</b>	0	0	-0	-0
<b>RCG</b>	-0	0	0	0	0
<b>PC</b>	NA	<b>7</b>	4	3	3
<b>PG</b>	<b>9</b>	4	2	2	2
<b>PCM</b>	<b>12</b>	3	2	2	1
<b>RGC</b>	<b>9</b>	6	3	3	2
<b>TCM</b>	<b>27</b>	-0	-1	-1	NA

<sup>a</sup>Duas vezes o logaritmo natural (2ln) do fator de Bayes é semelhante ao teste estatístico da razão da verossimilhança.

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

<sup>2</sup>evidência de 1 GEP no modelo versus 0 GEP no modelo; 0 a 2 = baixo; 2 a 5 = positivo; 5 a 10 = forte; > 10 = decisivo; NA = Não disponível, devido a insuficiência de amostras MCMC.

Na Tabela 7 são apresentadas as probabilidades a *posteriori* após ser ajustado o modelo combinado MPF+MPI. Observa-se que para as características RC, CCMA, AOL, RCG e TCM as probabilidades foram as mesmas do que quando foi ajustado o modelo MPF. Para RC há probabilidade de esta ser influenciada por dois GEPs (0,47) e para CCMA (0,49), AOL (0,50) e TCM (1,00) por apenas um GEP, enquanto que para RCG não há evidência de nenhum GEP (0,68).

TABELA 7 – Probabilidades marginais *a posteriori* do número de GEPs para as características estudadas<sup>1</sup> considerando o modelo combinado MPF + MPI.

Modelo	MPF + MPI					
	GEP	0	1	2	3	4
<i>Priori</i>	<b>0,37</b>	<b>0,37</b>	<b>0,18</b>	<b>0,06</b>	<b>0,01</b>	<b>0</b>
Característica <sup>1</sup>	Probabilidades <i>a Posteriori</i>					
RC	0	0,26	<b>0,47</b>	0,24	0,03	0
CCMB	<b>0,53</b>	0,26	0,14	0,05	0,02	0
CCMA	0,24	<b>0,49</b>	0,20	0,05	0,01	0
ETM	<b>0,45</b>	0,29	0,17	0,07	0,02	0
P <sub>2</sub>	<b>0,54</b>	0,26	0,13	0,04	0,01	0
RP	<b>0,63</b>	0,24	0,10	0,03	0,01	0
AOL	0	<b>0,50</b>	0,35	0,12	0,03	0,01
RCG	<b>0,68</b>	0,21	0,08	0,02	0,00	0
PC	0,13	0,21	<b>0,25</b>	0,21	0,13	0,07
PG	<b>0,40</b>	0,26	0,19	0,10	0,04	0,01
PCM	<b>0,42</b>	0,27	0,18	0,09	0,03	0,01
RGC	0,11	0,25	<b>0,28</b>	0,20	0,10	0,05
TCM	0	<b>1,00</b>	0	0	0	0

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

Para CCMB (0,53), ETM (0,45), P<sub>2</sub> (0,54), RP (0,63), PG (0,40) e PCM (0,42) não foi observado a evidência de nenhum GEP, ao contrário do que ocorreu quando ajustado o MPF. Para PC (0,25) e RGC (0,28) tem-se uma probabilidade da ação de dois GEPs, resultado também diferente de quando ajustado o MPF.

Ao ser ajustado o modelo combinado MPF + MPI, observa-se (Tabela 8) evidência decisiva da ação de um GEP sobre as características RC (25), AOL (10) e TCM (28), semelhantemente aos obtidos usando o modelo MPF. Para as

demais características as evidências foram baixas (valores abaixo de 2) ou negativas.

TABELA 8 – Fator de Bayes<sup>a</sup> para as características estudadas<sup>1</sup> considerando o modelo combinado MPF + MPI.

Característica <sup>1</sup>	MPF + MPI				
	1/0 <sup>2</sup>	2/1	3/2	4/3	5/4
<b>RC</b>	<b>25</b>	3	1	-1	-2
<b>CCMB</b>	-1	0	0	1	1
<b>CCMA</b>	1	-0	-0	-0	-0
<b>ETM</b>	-1	0	0	0	0
<b>P<sub>2</sub></b>	-1	-0	0	0	-0
<b>RP</b>	-2	-0	-0	-0	NA
<b>AOL</b>	<b>10</b>	1	0	-0	0
<b>RCG</b>	-2	-1	-0	-0	NA
<b>PC</b>	1	2	2	2	2
<b>PG</b>	-1	1	1	1	1
<b>PCM</b>	-1	0	1	1	1
<b>RGC</b>	2	2	2	1	2
<b>TCM</b>	<b>28</b>	-10	NA	NA	NA

<sup>a</sup>Duas vezes o logaritmo natural (2ln) do fator de Bayes é semelhante ao teste estatístico da razão da verossimilhança.

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

<sup>2</sup>evidência de 1 GEP no modelo versus 0 GEP no modelo; 0 a 2 = baixo; 2 a 5 = positivo; 5 a 10 = forte; > 10 = decisivo; NA = Não disponível, devido a insuficiência de amostras MCMC.

Através do ajuste do modelo combinado MPF + MPI, observa-se que não foi detectado tantos GEPs influenciando a variação das características estudadas como no MPF. Isso sugere que a maioria dessas características apesar de sofrerem influência de alguns GEPs, ainda há predominância da ação dos

poligênes. Exceto para RC, AOL e TCM onde se pode observar a presença dos GEPs influenciando a variação fenotípica dessas características.

#### 4.4 Ação gênica

Considerando o modelo MPF nota-se (Tabela 9) que RC e TCM têm expressão gênica de sobre dominância, CCMA de dominância completa e as demais características de dominância parcial.

TABELA 9 – Estimativas médias a *posteriori* das variâncias oligogênica (VAFILOCI), genética aditiva (VGA), genética do desvio de dominância (VGD) e do erro (VERRO) das características estudadas<sup>1</sup> quando foi ajustado o modelo poligênico finito (MPF).

Característica <sup>1</sup>	MPF			
	VAFILOCI	VGA	VGD	VERRO
RC	1,2669	0,3019	0,9649	1,5269
CCMB	1,9868	1,2611	0,7257	5,8432
CCMA	1,3209	0,7032	0,6176	5,6066
ETM	3,5799	1,9965	1,5833	15,7484
P <sub>2</sub>	6,1072	3,6134	2,4938	21,2440
RP	0,3282	0,2372	0,0910	1,2347
AOL	8,7277	6,7552	1,9724	9,9169
RCG	0,0024	0,0017	0,0007	0,0234
PC	4,9333	3,2916	1,6416	4,0924
PG	3,8851	2,9585	0,9265	6,7560
PCM	2,9686	2,3779	0,5907	5,6440
RGC	0,0044	0,0028	0,0013	0,0048
TCM	0,0042	0,0011	0,0030	0,0023

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

Considerando o modelo combinado MPF + MPI (Tabela 10), as características RC, AOL e TCM apresentam uma maior variância oligogênica (VAFILOCI). Embora esses resultados sejam condizentes com os observados anteriormente ao ser discutida a presença de GEP para estas características (Tabelas 7 e 8 e Figura 2), constata-se que existem efeitos poligênicos para o controle da expressão dessas características. Os valores da VAFILOCI são também semelhantes aos obtidos quando ajustado o MPF (Tabela 9), esta congruência de resultados ao serem ajustados estes dois modelos reforça ainda mais a evidência de GEP para estas características. Apesar de ter sido observado que as variâncias genéticas oligogênicas (VAFILOCI) são próximas das poligênicas (PVAR) para as características CCMA e RGC (Tabela 10), novamente ao ser observado as Tabelas 7 e 8, e a Figura 3, não se pode afirmar a presença de GEPs responsáveis por estas variações oligogênicas. Para as demais características (CCMB, ETM, P<sub>2</sub>, RP, RCG, PC, PG e PCM) a variância poligênica (PVAR) é predominante.

Ao ser ajustado o modelo combinado (MPF + MPI), observa-se que dentre as características de variância oligogênica, RC e TCM apresentam expressão gênica de sobre dominância e AOL de dominância parcial. Resultados semelhantes aos observados quando foi ajustado o modelo MPF. Dado a congruência de resultados quando ajustados os modelos MPF e o modelo combinado MPF + MPI para as características RC, AOL e TCM, isso reforça a hipótese de que há o efeito genético do GEP.

TABELA 10 – Estimativas médias a *posteriori* das variâncias oligogênica (VAFILOCI), genética aditiva (VGA), genética do desvio de dominância (VGD), poligênica (PVAR) e do erro (VERRO) das características estudadas<sup>1</sup> quando foi ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

Característica <sup>1</sup>	MPF + MPI				
	VAFILOCI	VGA	VGD	PVAR	VERRO
<b>RC</b>	1,2531	0,3284	0,9247	0,3022	1,3450
<b>CCMB</b>	0,6147	0,3865	0,2281	2,1397	5,5018
<b>CCMA</b>	0,8877	0,4347	0,4529	0,8523	5,3870
<b>ETM</b>	1,9650	0,9468	1,0181	2,7010	15,1584
<b>P<sub>2</sub></b>	2,9079	1,2712	1,6367	4,1237	20,8060
<b>RP</b>	0,1115	0,0762	0,0351	0,2916	1,1959
<b>AOL</b>	8,5738	6,4089	2,1648	0,9915	9,1834
<b>RCG</b>	0,0012	0,0008	0,0004	0,0033	0,0220
<b>PC</b>	2,6652	1,3462	1,3189	4,1659	3,1697
<b>PG</b>	1,2512	0,8053	0,4459	3,6996	6,2114
<b>PCM</b>	0,9584	0,6460	0,3123	2,9468	5,1186
<b>RGC</b>	0,0025	0,0015	0,0011	0,0032	0,0042
<b>TCM</b>	0,0038	0,0009	0,0029	0,0008	0,0019

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

Quando ajustado o modelo MPI (Tabela 11) a variância poligênica (PVAR) para todas as características foi semelhante à PVAR estimada quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI), exceto para AOL e TCM cujos valores foram mais elevados. Dado a semelhança de resultados das VAFILOCI estimadas ao serem ajustados o modelo MPF e o modelo combinado MPF + MPI, principalmente para AOL e TCM nas quais se observa a evidência de efeito de GEP, ao ser ajustado o MPI pode ter ocorrido um confundimento no

ajuste dos efeitos, ou seja, neste modelo o efeito do GEP e poligenes não foram distinguidos. Isso sugere que quando há evidência de GEP o MPI não deve ser o modelo mais adequado para este estudo.

TABELA 11 – Estimativas médias a *posteriori* das variâncias poligênica (PVAR) e do erro (VERRO) das características estudadas<sup>1</sup> quando foi ajustado o modelo poligênico infinitesimal (MPI).

Característica <sup>1</sup>	MPI	
	PVAR	VERRO
RC	0,3435	1,7280
CCMB	2,4244	5,6392
CCMA	1,2450	5,6799
ETM	3,0032	16,2697
P <sub>2</sub>	4,4684	22,5571
RP	0,3127	1,2335
AOL	5,2898	10,8724
RCG	0,0033	0,0225
PC	4,8548	4,6116
PG	4,1400	6,6424
PCM	3,3249	5,4328
RGC	0,0040	0,0055
TCM	0,0023	0,0031

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

Podemos observar que a variância devida ao erro (VERRO) para todas as características e considerando os três modelos (Tabelas 9 a 11) foi elevada, devido a fatores aleatórios não explicados pelos modelos.

#### 4.5 Distribuição de probabilidades

A observação da distribuição de probabilidades *a posteriori* da variância genética estimada, quando se ajusta o modelo combinado MPF + MPI (Figura 2), confirma a presença de GEP para RC, AOL e TCM. Para estas características pode-se observar que a probabilidade *a posteriori* de se ter valores da variância genética igual ou próxima a zero para MPF foi baixa. Segundo Bink et al. (2002a), somente se pode postular a possibilidade de se ter gene com efeito principal, quando não se verifica uma grande quantidade de variância genética próxima de zero ou nula. Apesar da aparente igualdade das variâncias devido ao GEP ( $\sigma_{MPF}^2$ ) e aos poligênes ( $\sigma_{MPI}^2$ ) para TCM, a partir dos resultados obtidos pode-se inferir que esta característica possui efeito predominante de GEP.

Para as características CCMB, CCMA, RCG e RGC nota-se (Figura 3) a ocorrência de uma aparente igualdade das variâncias devido ao GEP ( $\sigma_{MPF}^2$ ) e aos poligênes ( $\sigma_{MPI}^2$ ). Porém, como já discutido anteriormente (Tabelas 7 e 8) não foi possível detectar a presença de GEP para essas características. Novamente ao analisar as Tabelas 10 e 11, dado a semelhança de valores para PVAR nestas tabelas, sugere que estas características (CCMB, CCMA, RCG e RGC) são influenciadas por poligenes.

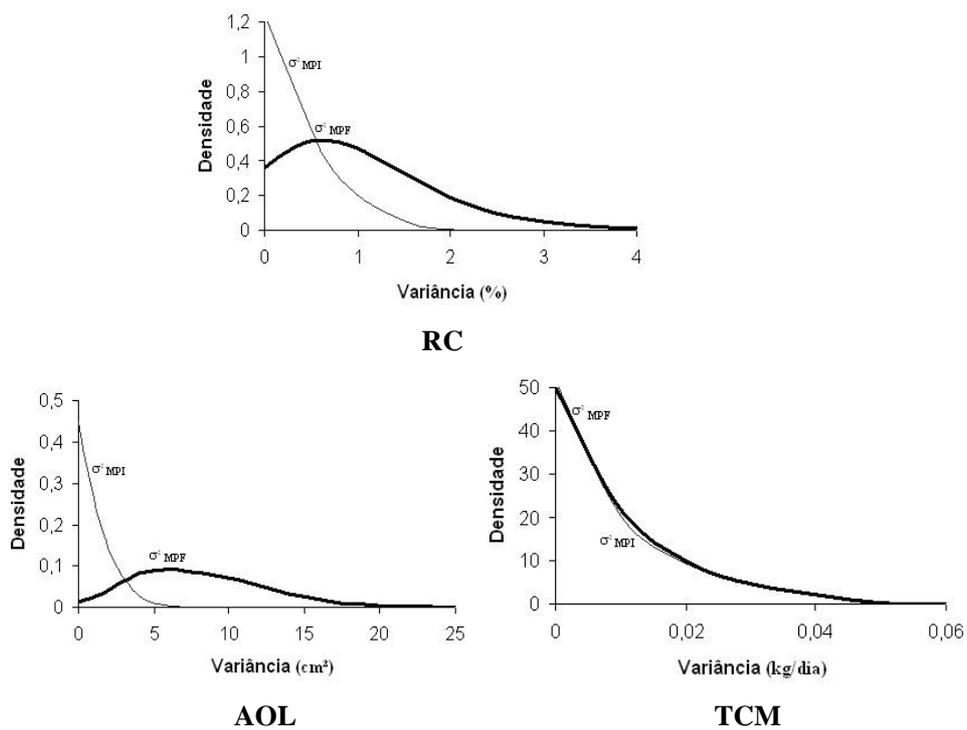


FIGURA 2 – Distribuição marginal *a posteriori* para as variâncias genéticas estimadas no modelo combinado MPF ( $\sigma^2_{MPF}$ ) + MPI ( $\sigma^2_{MPI}$ ) para as características área de olho de lombo (AOL), rendimento de carcaça (RC) e taxa de crescimento em músculo (TCM).

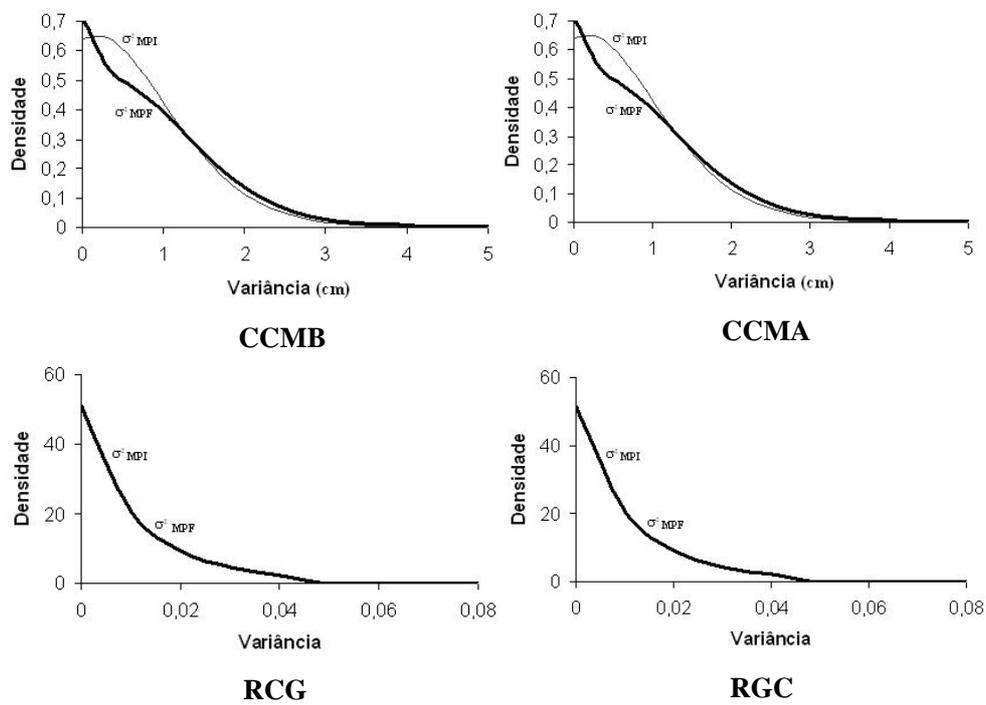


FIGURA 3 – Distribuição marginal *a posteriori* para as variâncias genéticas estimadas no modelo combinado MPF ( $\sigma^2_{MPF}$ ) + MPI ( $\sigma^2_{MPI}$ ) para as características comprimento de carcaça pelo método brasileiro (CCMB), comprimento de carcaça pelo método americano (CCMA), relação carne:gordura (RCG) e relação gordura:carne (RGC).

Para as características ETM, P<sub>2</sub>, RP, PC, PG e PCM (Figuras 4 e 5) o efeito dos poligenes ( $\sigma_{MPI}^2$ ) é mais evidente, o que condiz com os resultados obtidos nas Tabelas 7 e 8, onde não foi verificada a influência de GEP na variação fenotípica dessas características. Isso sugere que estas características são influenciadas por poligenes.

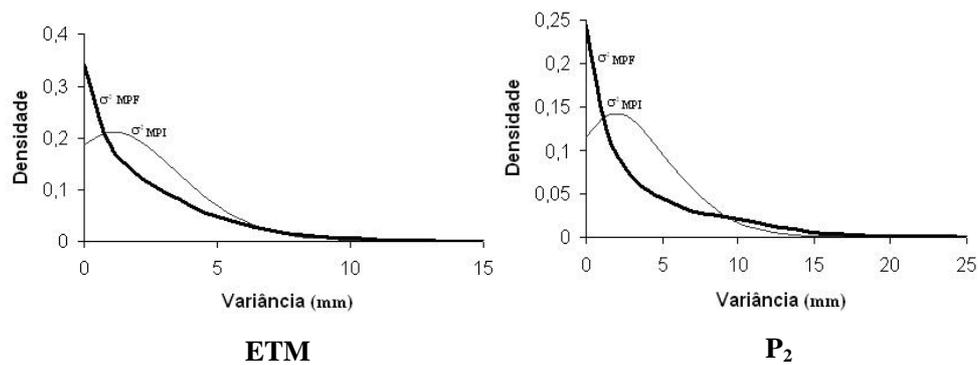


FIGURA 4 – Distribuição marginal a *posteriori* para as variâncias genéticas estimadas no MPF ( $\sigma_{MPF}^2$ ) e no MPI ( $\sigma_{MPI}^2$ ) para as características espessura de toucinho média (ETM) e espessura de toucinho a 6,5cm da linha do dorso (P<sub>2</sub>).

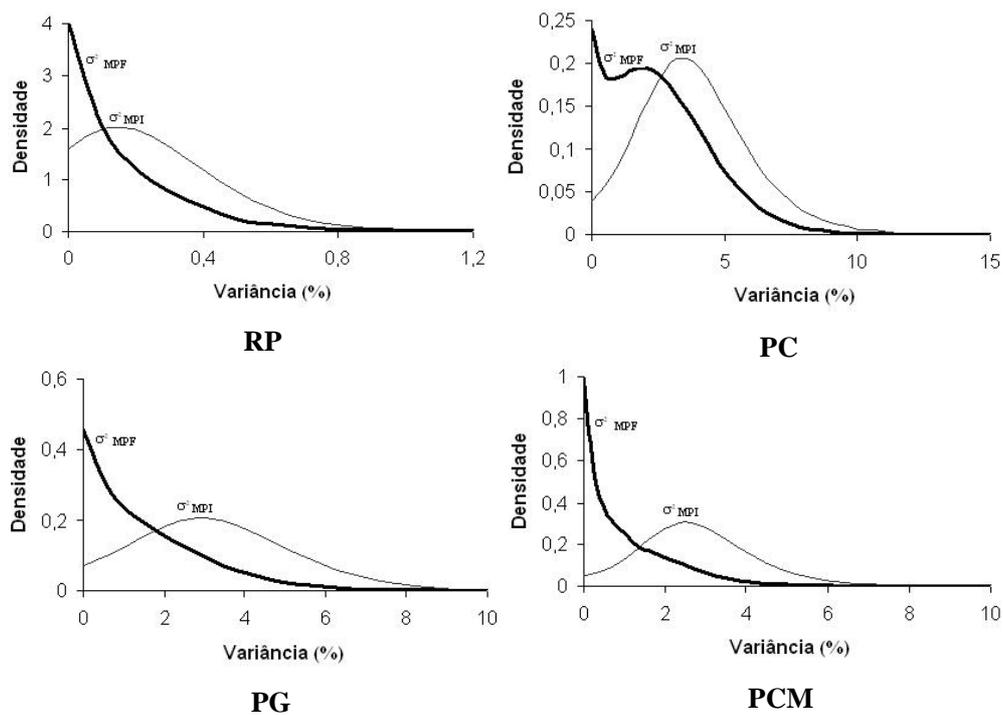


FIGURA 5 – Distribuição marginal a *posteriori* para as variâncias genéticas estimadas no MPF ( $\sigma_{MPF}^2$ ) e no MPI ( $\sigma_{MPI}^2$ ) para as características rendimento de pernil (RP), porcentagem de carne (PC), porcentagem de gordura (PG) e porcentagem de cortes magros (PCM).

#### 4.6 Estimativas de herdabilidade ( $h^2$ )

Na Tabela 12 são apresentados os valores das estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) quando foram ajustados os modelos MPF, MPI e o modelo combinado MPF + MPI. Os resultados de  $h^2$  estimados quando ajustado o MPI, para todas as características, são aqueles que mais se aproximam dos valores observados em trabalhos encontrados na literatura (Tabela 1).

TABELA 12 - Estimativas médias de herdabilidade para as características estudadas<sup>1</sup>, ao serem ajustados o modelo poligênico finito (MPF), modelo poligênico infinitesimal (MPI) e o modelo combinado (MPF + MPI).

Características <sup>1</sup>	$h^2$		
	MPF	MPI	MPF + MPI
RC	0,11	0,17	0,11 0,10
CCMB	0,16	0,30	0,05 0,26
CCMA	0,10	0,18	0,06 0,12
ETM	0,10	0,15	0,05 0,14
P <sub>2</sub>	0,13	0,16	0,04 0,15
RP	0,15	0,20	0,05 0,18
AOL	0,36	0,33	0,34 0,05
RCG	0,06	0,13	0,03 0,12
PC	0,36	0,51	0,13 0,42
PG	0,28	0,38	0,07 0,33
PCM	0,28	0,38	0,07 0,33
RGC	0,33	0,42	0,14 0,32
TCM	0,17	0,42	0,14 0,13

<sup>1</sup>RC: rendimento de carcaça, CCMB: comprimento de carcaça pelo MBCC, CCMA: comprimento de carcaça pelo método americano, ETM: espessura média de toucinho pelo MBCC, P<sub>2</sub>: espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso, RP: rendimento de pernil, AOL: área de olho de lombo, RCG: relação carne:gordura, PC: percentagem de carne, PG: percentagem de gordura, PCM: percentagem de cortes magros, RGC: relação peso de gordura/peso de carne e TCM: taxa de crescimento em músculo.

Na análise combinada (MPF + MPI) é considerada simultaneamente a possibilidade de a mesma característica ser influenciada por poucos ou muitos

genes. Desta forma permite separar a ação do efeito poligênico e de genes de efeito principal sobre a característica em análise.

Na Tabela 12, observando o resultado da estimativa da  $h^2$  considerando o modelo combinado (MPF + MPI), é possível constatar que a característica AOL possui predominância de GEP com pouca influência de poligênes. O valor encontrado para  $h^2$  ao ajustar o modelo combinado, considerando que a característica seja oligogênica (0,34) é semelhante ao valor encontrado quando foi analisada a característica ajustando somente o MPF (0,36) ou o MPI (0,33).

Pode ser observado na Tabela 12 que o valor da  $h^2$  para RC considerando o modelo combinado é de 0,11 (MPF) e 0,10 (MPI), quando se considera só o MPF, o seu valor continua bem semelhante (0,11), mas quando analisado o MPI ela fica um pouco mais elevada (0,17), indicando a presença dos poligênes. O mesmo ocorre para TCM, pelo modelo combinado a estimativa da  $h^2$  é de 0,14 (MPF) e 0,13 (MPI), quando considerado só o MPF seu valor é de 0,17 e quando analisado o MPI ela vai para 0,42. Portanto para RC e TCM observa-se tanto a presença de efeitos poligênicos quanto de GEP, mas com predominância da ação dos GEPs.

Para as demais características estudadas (CCMB, CCMA, ETM, P<sub>2</sub>, RP, RCG, PC, PG, PCM, RGC) é clara a predominância de efeitos poligênicos com pouca ação dos GEPs. Para essas características, ao ser ajustado o modelo combinado, observa-se que os valores das estimativas da  $h^2$  considerando a fração devido ao MPI é bem superior ao valor estimado pelo MPF. Apesar de serem observados valores de estimativas de  $h^2$  para essas características quando se ajusta somente o MPF, tais valores não fazem sentido como já foi comentado em parágrafos anteriores nos quais foram discutidos sobre a presença ou não de GEP.

Com a evidência de GEP para algumas características quantitativas como rendimento de carcaça, área de olho de lombo e taxa de crescimento em

músculo, poderá ser implementado o estudo de marcadores moleculares com a finalidade de localização da região genômica responsável pela variação oligogênica sobre influência do GEP.

## 5 CONCLUSÕES

Para diagnósticos que confirmem a composição genética de características quantitativas há necessidade do ajuste de modelos combinando efeitos oligogênicos e poligênicos com o número de genes de efeito principal (GEP) considerado como uma variável aleatória. Isto poderá tornar o método de estimação de componentes de variância, em uma população com informações de pedigree, mais flexível e robusta;

A consistência dos resultados obtidos com o ajuste dos modelos propostos sugere que há evidências de que algumas características (rendimento de carcaça, área de olho de lombo e taxa de crescimento em músculo) que eram consideradas somente de efeito poligênico sejam influenciadas por genes de efeito principal e os valores das estimativas de herdabilidade para estas características devem ser calculados considerando os efeitos dos GEPs, sendo assim chamadas de herdabilidades verdadeiras.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA NETO, P. P.; OLIVEIRA, A. I. G.; ALMEIDA, A. J. L. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos de características de carcaça de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.22, p.624-633, 1993.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE SUÍNOS. **Método brasileiro de classificação de carcaça**. Estrela, RS: ABCS, 1973. 17p.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; GUIMARÃES, S. E. F.; TORRES, R. A. Avaliação de características de carcaça de suínos utilizando-se a análise dos componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n.6, p.2209-2217, 2005 (supl.).

BINK, M. C. A. M.; UIMARI, P.; SILLANPÄÄ, M. J.; JANSSE, L. L. G.; JANSEN, R. C. Multiple QTL mapping in related plant populations via a pedigree analysis approach. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 104, p. 751-762, 2002a.

BINK, M. C. A. M.; UIMARI, P. ; TE PAS, M. F. W. ; VERBURG, F. ; JANSSE, L. L. G. Statistical Inference on Genetic Response in selection lines using bivariate finite polygenic and QTL models, **7<sup>th</sup> world Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, August 19-23, Montpellier, France, 2002b.

BOGGS, D. L.; MERKEL, R. A. **Live animal carcass evaluation and selection manual**. Toronto: Kendall/Hunt, 1979. 199p.

BOLDMAN, K. G.; VAN VLECK, L. D. Derivative-free Restricted Maximum Likelihood Estimation in animal models with a sparse matrix solver. **Journal Dairy Science**. Champaign, v. 74, n. 12, p. 4337-4344, Dec. 1991.

BRANNAMAN, J. L.; CHRISTIAN, L. L.; ROTHSCHILD, M. F.; KLINE, E. A. Prediction equations for estimating lean quantity in 15.0 to 50.0 kg pigs. **Journal of Animal Science**, v.59, n.4, p.991-996, 1984.

BRAZÃO, C. S. **Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais para algumas características de desempenho em suínos da raça Large White**. 1997. 68 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Unesp – Jaboticabal.

CATALAN, G. **Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos em suínos Landrace, Large White e Duroc, nas fases de crescimento e terminação.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1986. 129p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1986.

COBUCCI, J. A.; OLIVEIRA, A. I. G.; GONÇALVES, T. M. Parâmetros genéticos de peso ao nascer em suínos híbridos pelo método dos quadrados mínimos e da máxima verossimilhança restrita. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 21, n. 4, p. 511-515, out/dez. 1997.

COLLAO SAENZ, E. A. **Aplicação de modelos animais na estimação de parâmetros genéticos em características de carcaça de suínos.** 1994. 57 p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CUTHBERTSON, A.; PEASE, A. R. H. The interrelationships of various measurements, visual assessments and dissection results of pigs of 200 lb live weight. **Animal Production**, v.10, n.3, p.249-255, 1968.

CUTHBERTSON, A. PIDA Dissection techniques. In: SYMPOSIUM ON METHODS OF CARCASS EVALUATION, 1968, Dublin. **Proceedings...**Dublin: European Association for Animal Production, 1968. 8p.

DE BOER, I. J. M.; HOECHELE, I. Genetic evaluation methods for populations with dominance and inbreeding, **Theoretical Applied Genetic**. 1993; v.86, p.245-258.

ELLER, J. P. **Utilização de modelos animais univariados e multivariados na avaliação genética de bovinos da raça Nelore.** 1994, 112 p. Tese (Livre Docência) – Universidade de São Paulo, Pirassununga.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**, 1989.

FERNANDES, F. R. D. **Avaliação de carcaças de suínos da raça Large White utilizando medidas convencionais.** 2002, 47 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Lavras.

FERNANDEZ GINÉ, G. A.; FREITAS, R. T. F.; OLIVEIRA, A. I. G.; PEREIRA, I. G.; GONÇALVES, T. M.; Estimativa de parâmetros genéticos para características de carcaça em um rebanho de suínos Large White. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 33, n.2, p. 337-343, 2004.

FERNANDO, R. L.; STRICKER, C.; ELSTON, R. L. The finite polygenic mixed model an alternative formulation for the mixed model of inheritance. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 88, p. 573-580, 1994.

FISCH, R. D.; RAGOT, M.; Gay, G. A generalization of the mixture model in the mapping of quantitative trait loci for progeny from a biparental cross of inbred lines. **Genetics**, v. 143, p. 571-577, 1996.

FISHER, R. A. The Correlation Between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Royal Society**, v. 52, p. 399-433, 1918.

FOWLER, V. R.; BICHARD, M.; PEASE, A. Objectives in pig breeding. **Animal Production**, v.23, n.3, p.365-387, 1976.

GIANOLA, D; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v. 63, p. 217-244, 1986.

GILKS, W. R.; RICHARDSON, S.; SPIEGELHALTER, D. J. Markov chain monte carlo in practice. Chapman & Hall, London, 1996.

GREEN, P. J. Reversible jumping Markov chain Monte Carlo computation and Bayesian model determination. **Biometrics**, v. 82, p. 711-732, 1995.

HEATH, S. C. Markov chain Monte Carlo segregation and linkage analysis for oligogenic models. **Am. J. Hum. Genet.**, v. 61, p. 748-760, 1997.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Washington, v.9, n.2, p. 226-252, 1953.

HICKS, C.; TSUTOMU, F.; SCHINCKEL, A. P. Estimates of genetic parameters for daily gain and carcass traits for Japanese Large White Swine. **Swine Day Report**, 1998. 3p.

HOESCHELE, I. Additive and nonadditive genetic variance in female fertility of Holsteins. **Journal of dairy Science**, v. 74, p. 1743-1752, 1991.

IRGANG, R.; FÁVERO, J. A.. Reprodutores suínos de alto valor genético para número de leitões nascidos vivos por leitegada. Concordia, SC: EMBRAPA CNPS, 1997, 76p.

JOHNSON, R. K. Crossbreeding in swine: experimental results. **Journal of Animal Science** , v. 52, n. 4, p.906-23, 1981.

- KASS, R. E. Bayes factors in practice. **Statistician**, v. 42, p.551–560,1993.
- KASS, R. E.; RAFTERY, A. E. Bayes factors. **Journal of the American Statistical Association**, v. 90, p.773–795, 1995.
- LANDE, R. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. **Genetics**, v. 99, p. 541-553, 1981.
- LANGE, K. An approximate model of polygenic inheritance. **Genetics**, v. 147, p. 1423-1430, 1997.
- LANGE, K; MATTHYSSE, S. Simulation of pedigree genotypes by random walks. **The American Journal of Human Genetics**, v. 45, p. 959-970, 1989.
- LARZUL, C.; LEFAUCHEUR, L.; ECOLAN, P.; GOGUE, J.; TALMANT, A.; SÉLLER, P.; Le ROY, P.; MONIN, G. Phenotypic and genetic parameter for *longissimus* muscle fiber characteristics in relation to growth, carcass and meat quality traits in Large White pigs. **Journal of Animal Science**, v. 75, p. 3126-3137, 1997.
- MARTINEZ, V.; BUNGER, L.; HILL, W. G. Analysis of response to 20 generations of selection for body composition in mice: fit to infinitesimal model assumptions. **Journal of Genetics Selection Evolution**, v. 32, p. 3-21, 2000.
- Mc LAREN, D. G.; BUCHANAN, D. S.; JOHSON, R. K.; Individual heterosis and breed effects for post weaning performance and carcass traits in four breed of swine. **Journal of Animal Science**, v. 64, n. 1, p.83-98, 1987.
- MEDEIROS, B. R. **Parâmetros genéticos de características de desempenho e de carcaça de javalis (*Sus scrofa sp*) criados em cativeiro, obtidos por inferência Bayesiana**. 2005, 54p. Dissertação (Mestrado em Genética) – Universidade Federal do Paraná.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, n.3, p.545-554, 1971.
- PIRES, A. V.; LOPES, P. S.; GUIMARÃES, S. E. F. Mapeamento de locos de características quantitativas no cromossomo 6, associados às características de carcaça e de órgãos internos de suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1660-1668, 2006 (supl.)

RESENDE, M. D. V. Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, documentos, 46. 68 p. 2000.

ROSO, V. M.; FRIES, L. A.; MARTINS, E. S. Parâmetros genéticos em características de desempenho e qualidade de carcaça em suínos da raça Duroc. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.24, n.2, p.310-316, 1995.

ROSTAGNO, H. S. et al. Composição de alimentos e exigências nutricionais de aves e suínos (tabelas brasileiras). Viçosa:UFV. Imprensa Universitária, 1994, 61 p.

SCHNEIDER, J. F. **Individual and maternal heterosis estimated from single-crosses and back-crosses of swine**. Ames, Iowa State University, 128p, 1978.

SILLANPAA, M. J.; ARJAS, E. Bayesian mapping of multiple quantitative trait loci from incomplete inbred line cross data. **Genetics**, v. 148, p.1373-1388, 1998.

SILVA, R. G. da. Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162 p.

SMITH, J. W.; GRASER, H. V. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.69, n. 4, p. 1156-1165, Apr, 1986.

SOBEL, E.; LANGE, K. Descent graphs in pedigree analysis: applications to haplotyping, location scores, and marker-sharing statistics. **The American Journal of Human Genetics**, v. 58, p. 1323-1337, 1996.

SORENSEN, D. A.; WANG, C. S.; JENSEN, J.; GIANOLA D. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Journal Genetics Selection Evolution**, v. 26, p. 333-360, 1994.

SORENSEN, D. A.; GIANOLA, D. Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics. Springer-Verlag, New York, 2002.

THOMPSON, E. A. Monte Carlo likelihood in genetic mapping. **Statistics Science**, v. 9, p. 903-908, 1994.

THOMPSON, E. A.; SKOLMICK, M. H. Likelihoods on complex pedigrees for quantitative traits. In: **International Conference on Quantitative Genetics. Proceedings...** (ed. Pollack E, Kempthorne O, Boiley Jr TB) p. 815-818. Ames, Iowa State University Press. 1977.

TORRES Jr, R. A. A.; SILVA, M. A.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; EUCLYDES, R. F. Estimativas de componentes de (co) variância para características produtivas de suínos Landrace e Large White pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 27, n. 2, p. 283-291, mar/abr. 1998.

UIMARI, P.; SILLANPÄÄ, M. A Bayesian MCMC linkage analysis with segregation indicators for complex pedigrees. **Genetics Epidemiology**, v. 21, p. 224-242, 2001.

VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, L. D. **A manual for use of MTGSAM**. A set of Fortran programs to apply Gibbs Sampling to animal models for variance component estimation. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Service, 85p. 1995.

VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, n 74, p. 2586-2597, 1996.

WAAGEPETERSEN, R.; SORENSEN, D. A tutorial on reversible jump MCMC with a view toward applications in QTLmapping. **Int. Stat. Rev.**, v. 69, p. 49-61, 2001.

YI, N. J. A unified Markov chain Monte Carlo framework for mapping multiple quantitative trait loci. **Genetics**, v. 167, p. 967-975. 2004.

YI, N. J.; YANDELL, B. S.; CHURCHILL, G. A.; ALLISON, D. B.; EISEN, E. J.; POMP, D. Bayesian model selection for genome-wide epistatic quantitative trait loci analysis. **Genetics**, v. 170, p. 1333-1344. 2005.

## 7 ANEXOS

ANEXO A	Pág
FIGURA 1A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$ e $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica área de olho de lombo (AOL), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).	58
FIGURA 2A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$ e $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica área de olho de lombo (AOL), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).	59
FIGURA 3A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$ e $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método americano (CCMA), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).	60
FIGURA 4A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$ e $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método americano (CCMA), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).	61
FIGURA 5A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$ e $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método brasileiro (CCMB), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).	62

- FIGURA 6A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método brasileiro (CCMB), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 63
- FIGURA 7A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho média (ETM), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 64
- FIGURA 8A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho média (ETM), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 65
- FIGURA 9A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho a 6,5cm da linha do dorso (P<sub>2</sub>), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 66
- FIGURA 10A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho a 6,5cm da linha do dorso (P<sub>2</sub>), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 67
- FIGURA 11A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de carne (PC), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 68

- FIGURA 12A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de carne (PC), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 69
- FIGURA 13A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de cortes magros (PCM), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 70
- FIGURA 14A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de cortes magros (PCM), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 71
- FIGURA 15A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ) para a característica porcentagem de gordura (PG) quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 72
- FIGURA 16A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de gordura (PG), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 73
- FIGURA 17A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de carcaça (RC), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 74

- FIGURA 18A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de carcaça (RC), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 75
- FIGURA 19A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação carne:gordura (RCG), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 76
- FIGURA 20A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação carne:gordura (RCG), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 77
- FIGURA 21A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação peso da gordura/peso da carne (RGC), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 78
- FIGURA 22A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação peso da gordura/peso da carne (RGC), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 79
- FIGURA 23A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de pernil (RP), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 80

FIGURA 24A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de pernil (RP), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 81

FIGURA 25A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica taxa de crescimento em músculo (TCM), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI). 82

FIGURA 26A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica taxa de crescimento em músculo (TCM), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). 83

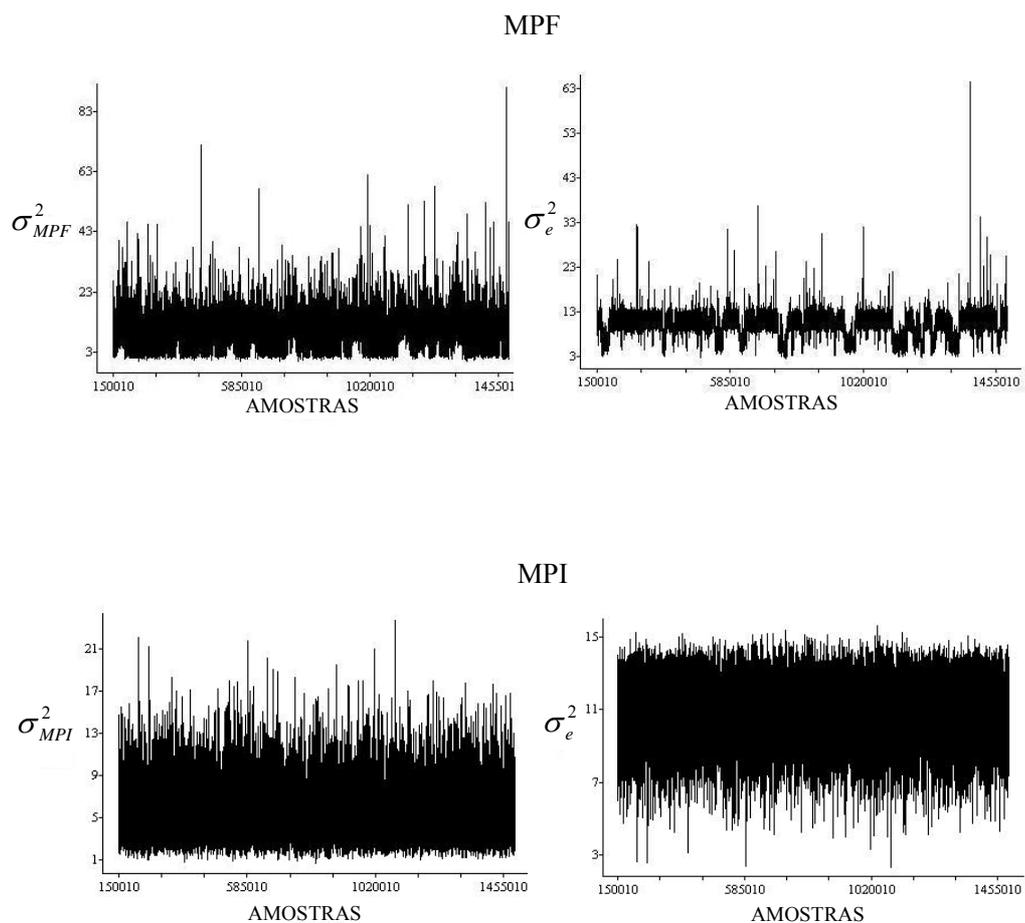


FIGURA 1A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica área de olho de lombo (AOL), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e o modelo poligênico infinitesimal (MPI).

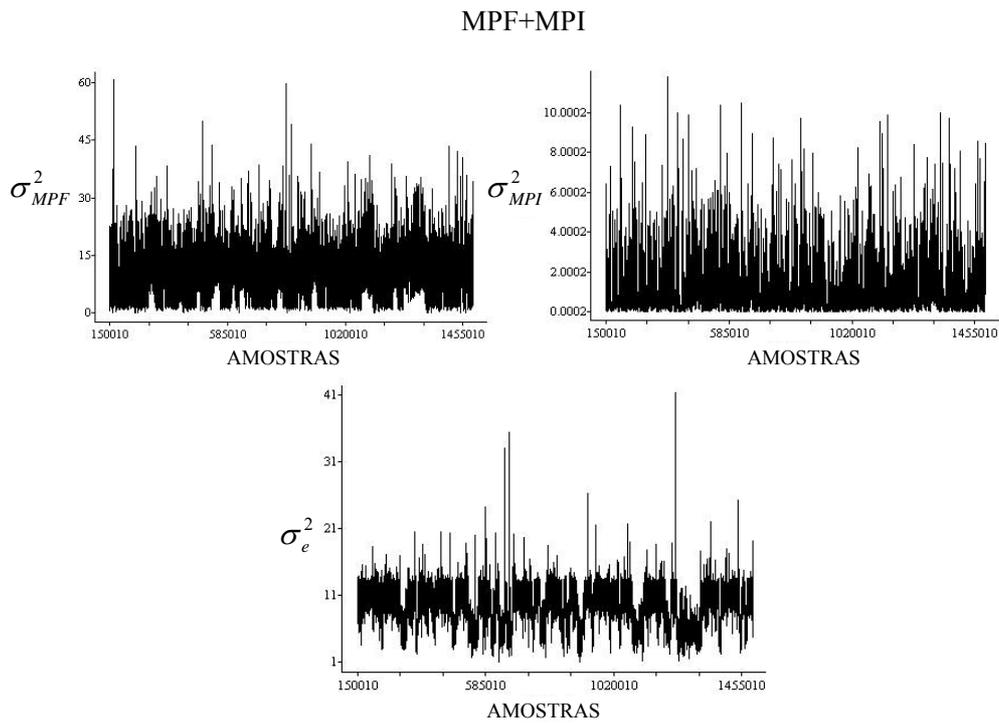


FIGURA 2A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica área de olho de lombo (AOL), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

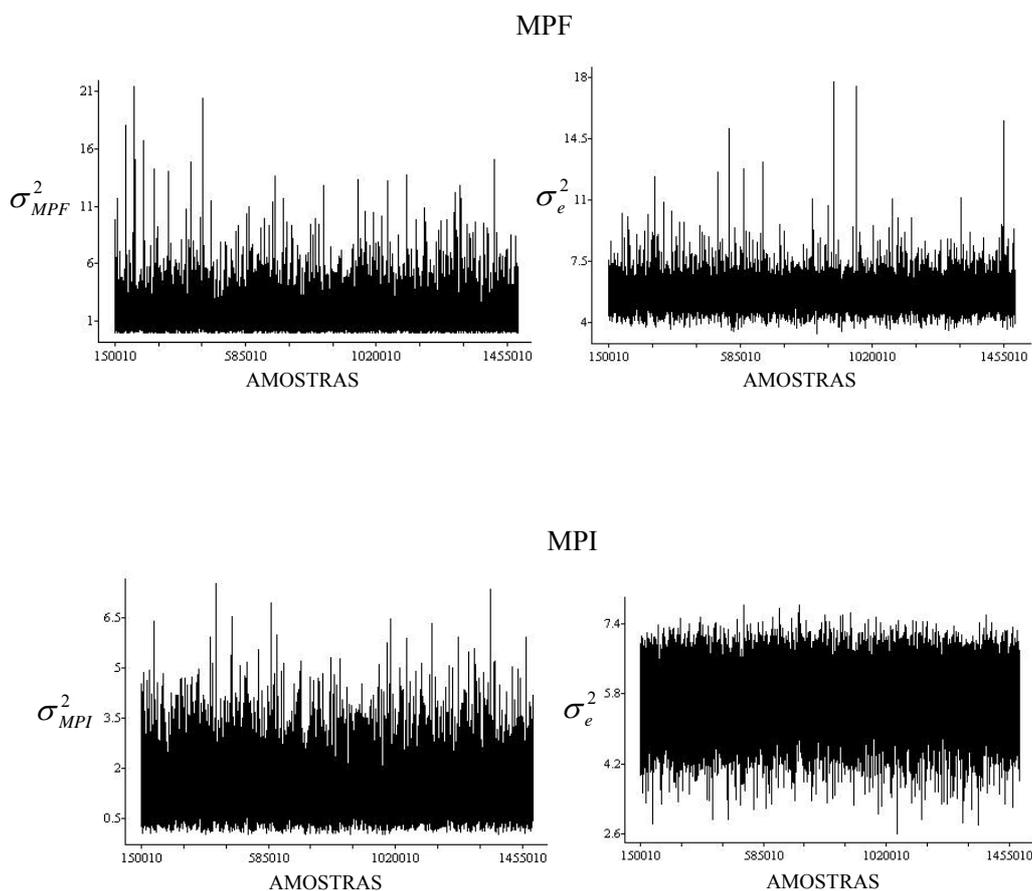


FIGURA 3A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método americano (CCMA), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

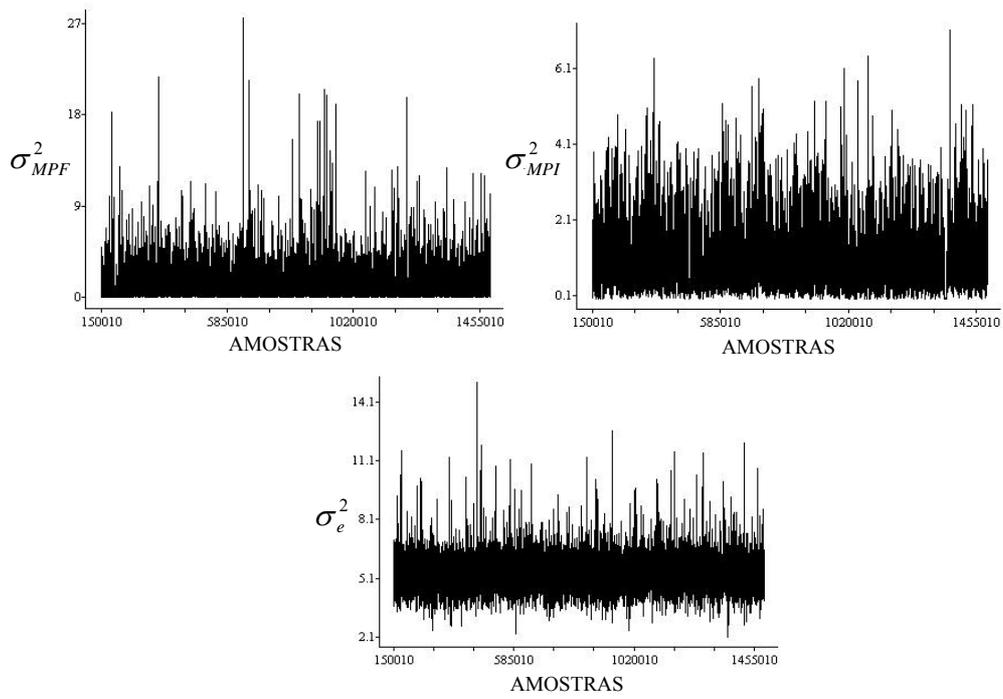


FIGURA 4A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método americano (CCMA), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

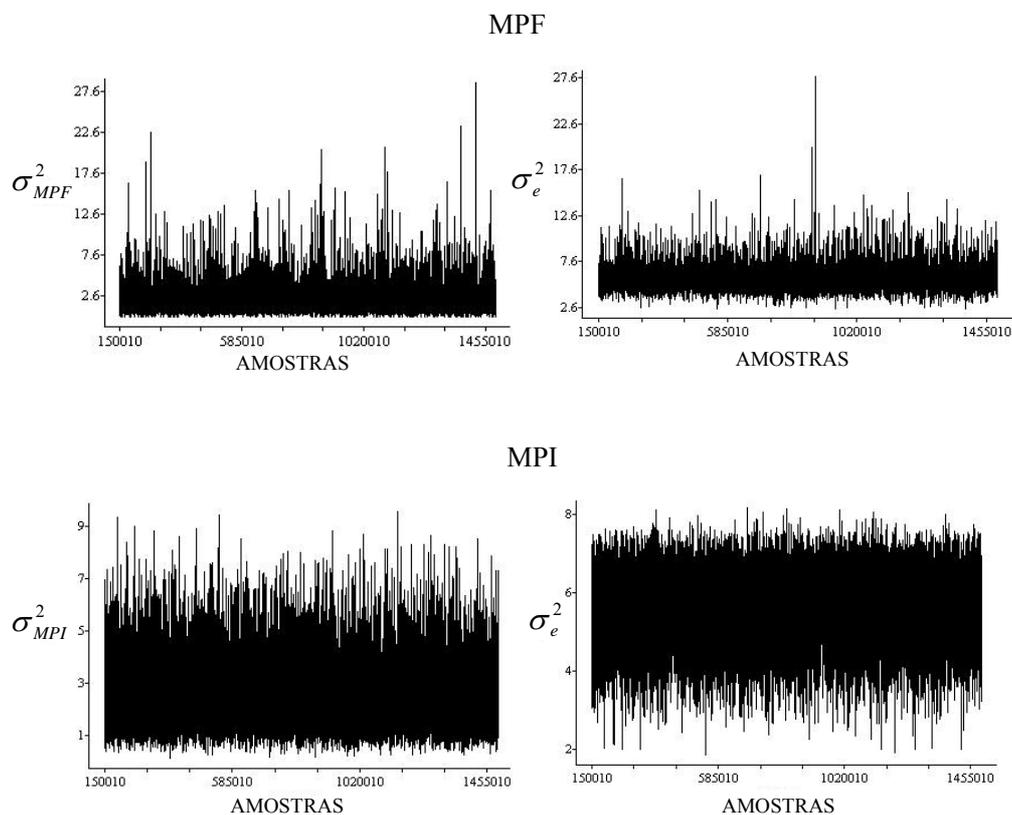


FIGURA 5A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método brasileiro (CCMB), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

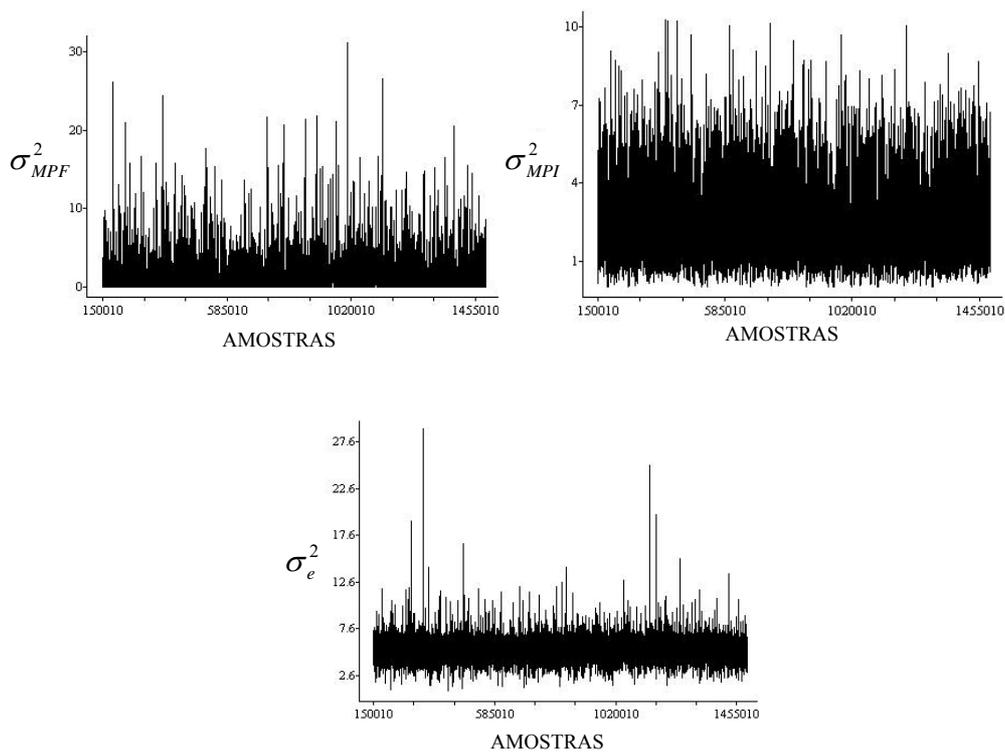


FIGURA 6A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica comprimento de carcaça pelo método brasileiro (CCMB), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

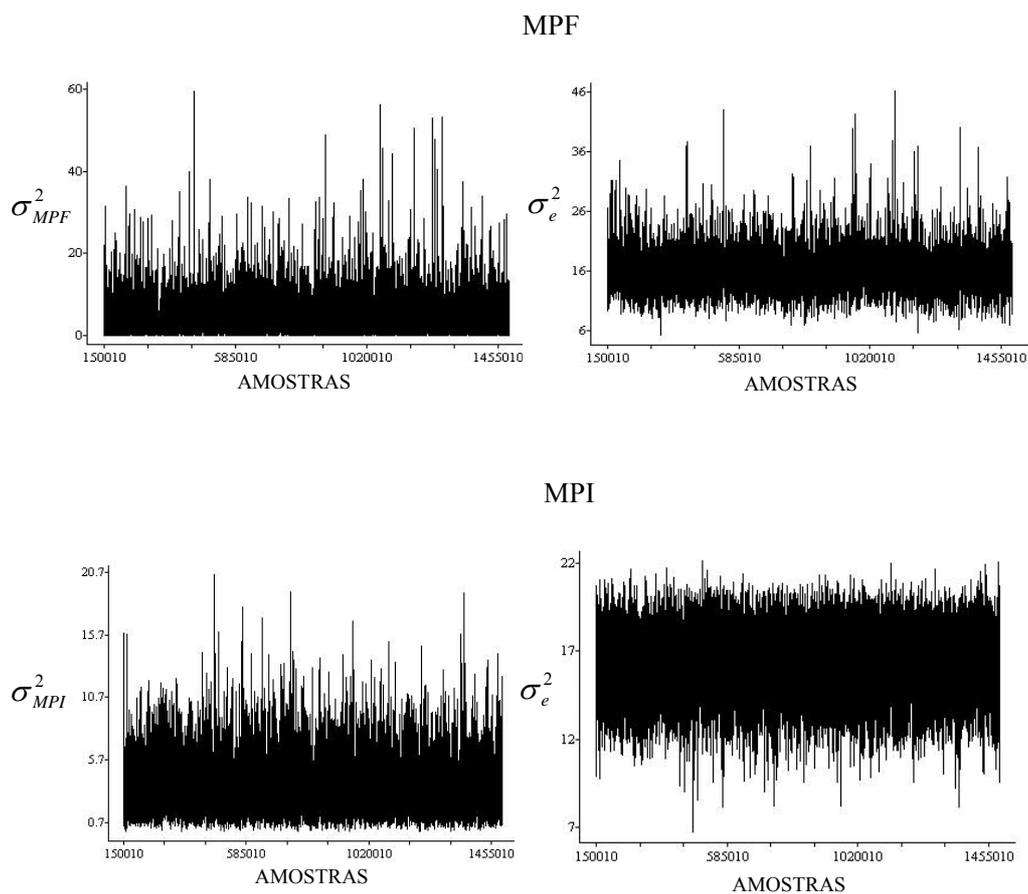


FIGURA 7A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho média (ETM), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

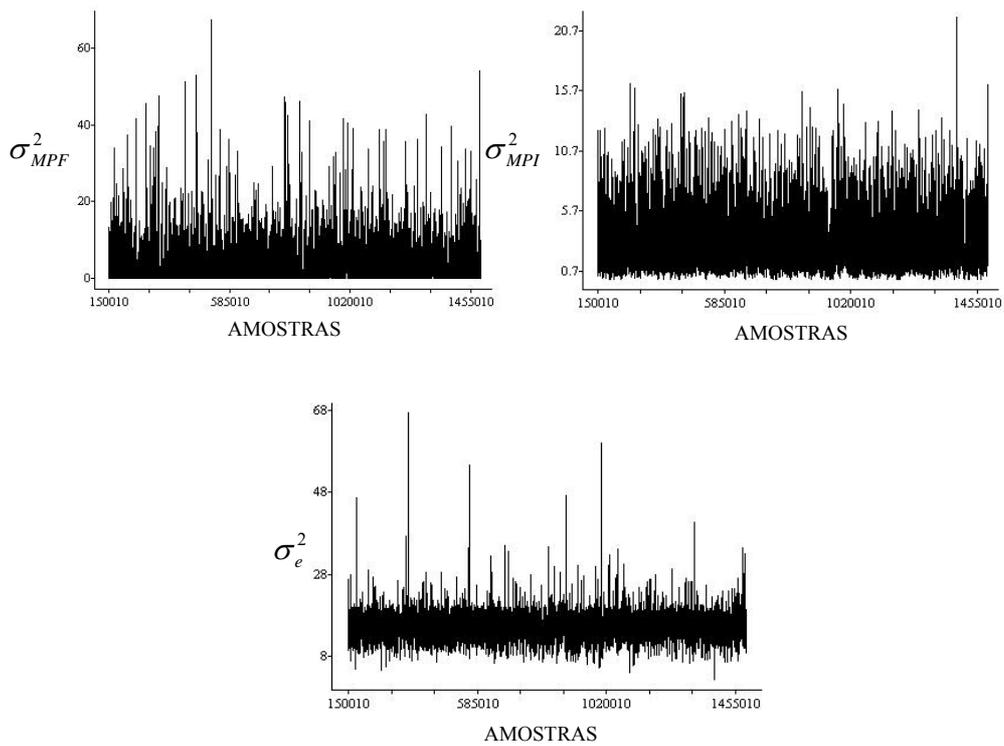
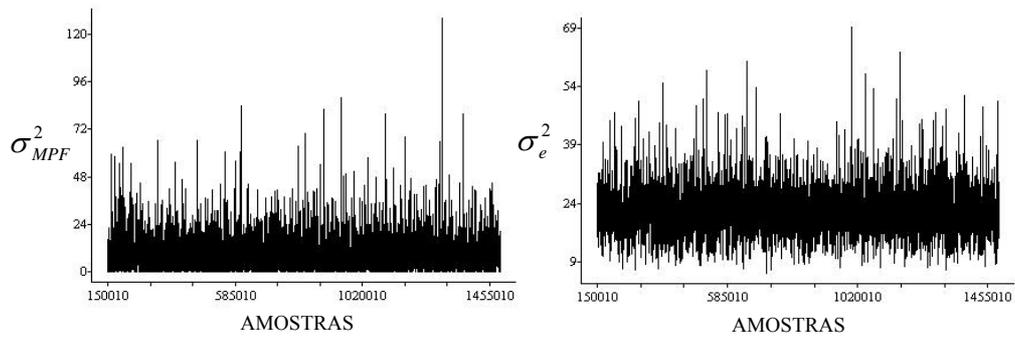


FIGURA 8A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho média (ETM), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

### MPF



### MPI

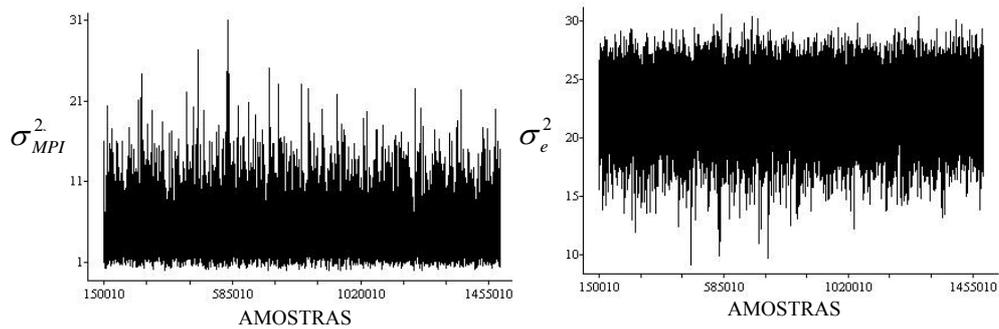


FIGURA 9A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho a 6,5cm da linha do dorso ( $P_2$ ), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

### MPF + MPI

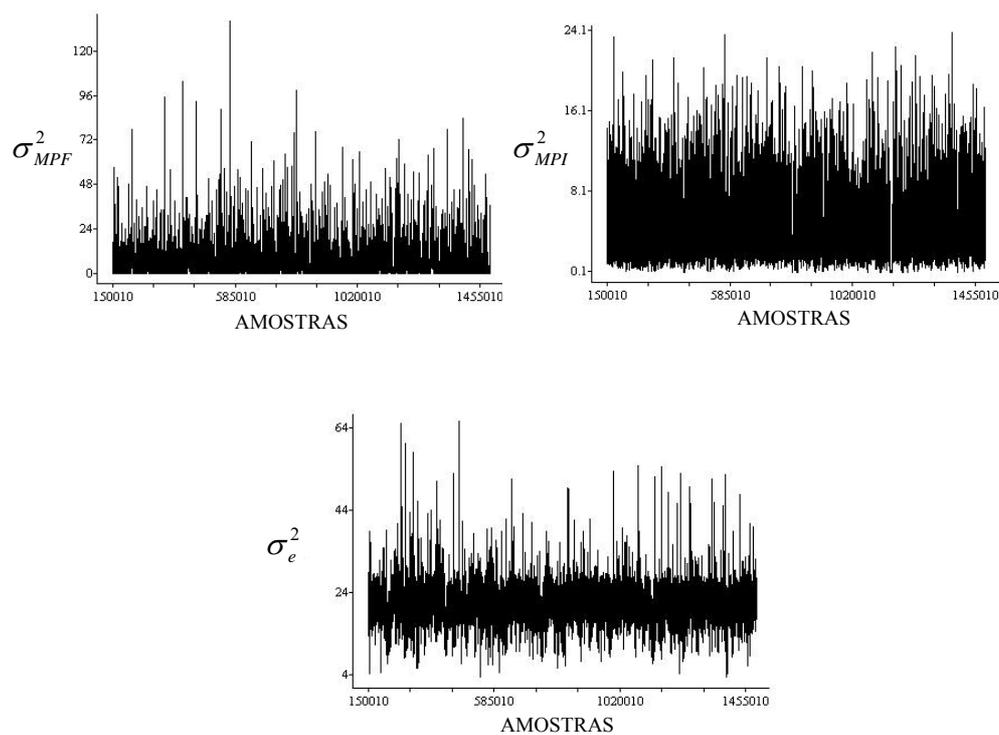


FIGURA 10A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica espessura de toucinho a 6,5cm da linha do dorso ( $P_2$ ), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

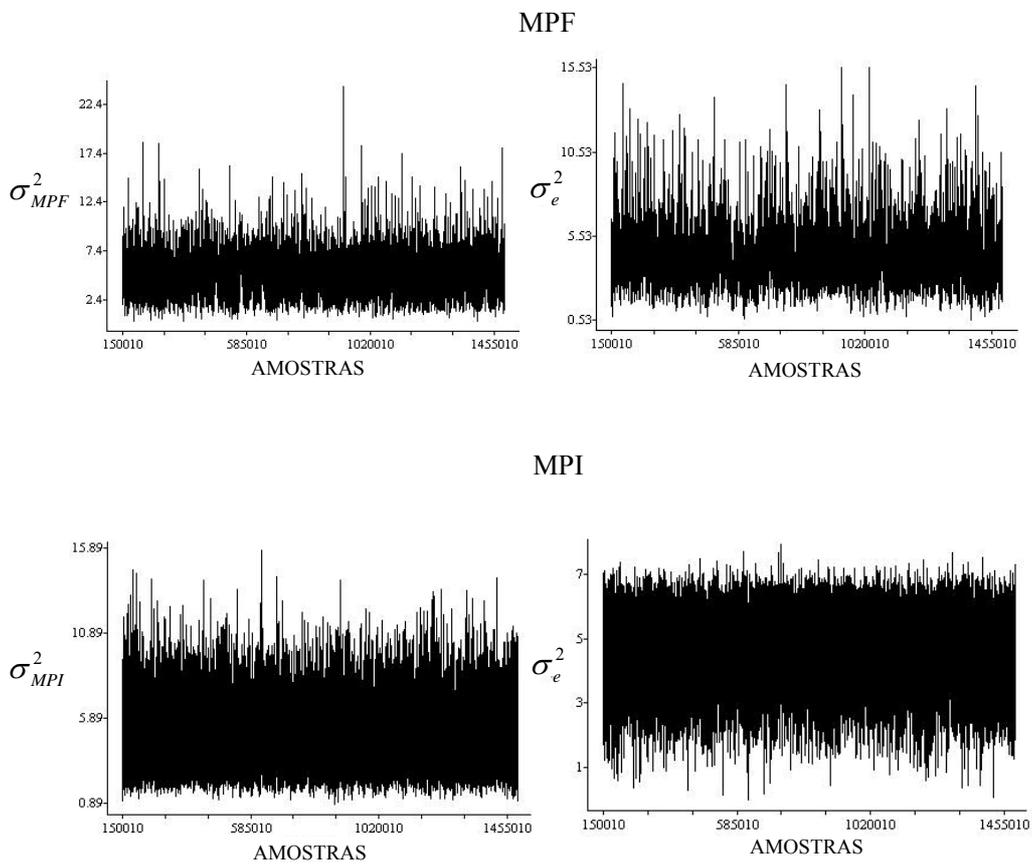


FIGURA 11A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de carne (PC), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

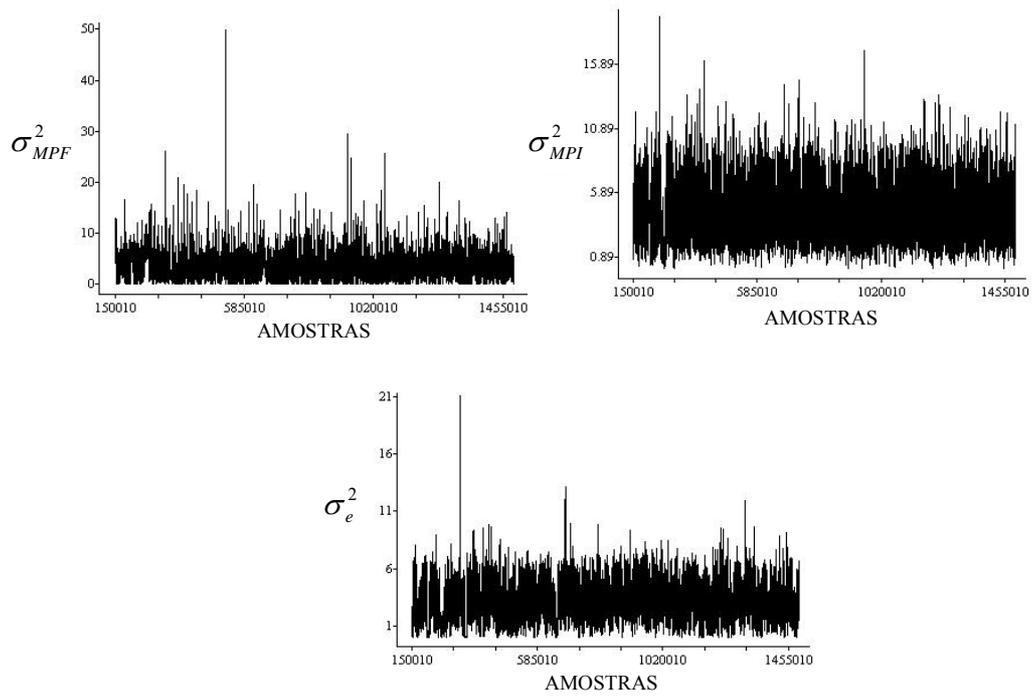


FIGURA 12A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de carne (PC), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

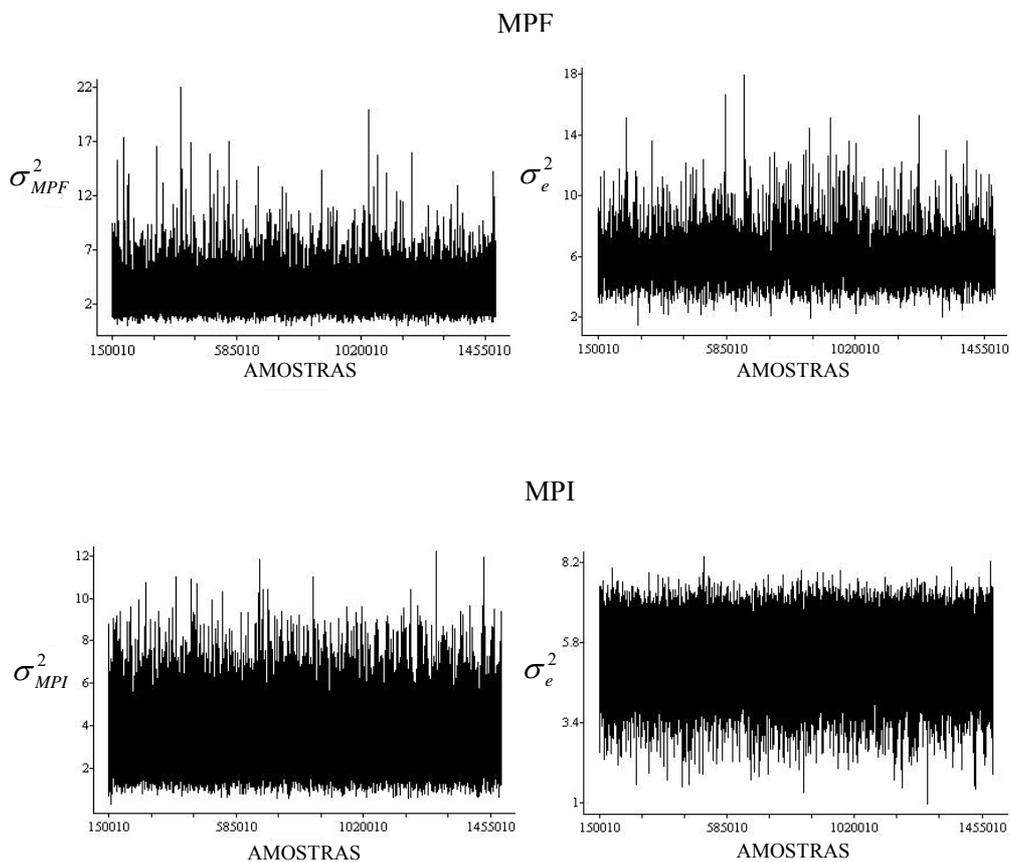


FIGURA 13A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de cortes magros (PCM), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

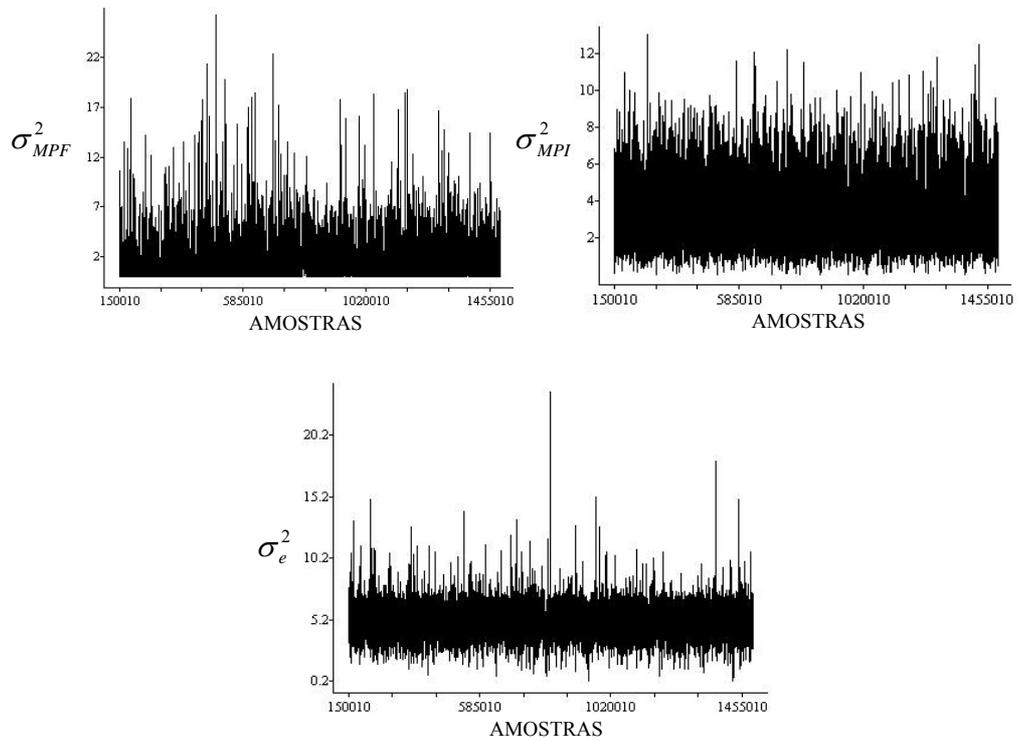


FIGURA 14A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de cortes magros (PCM), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

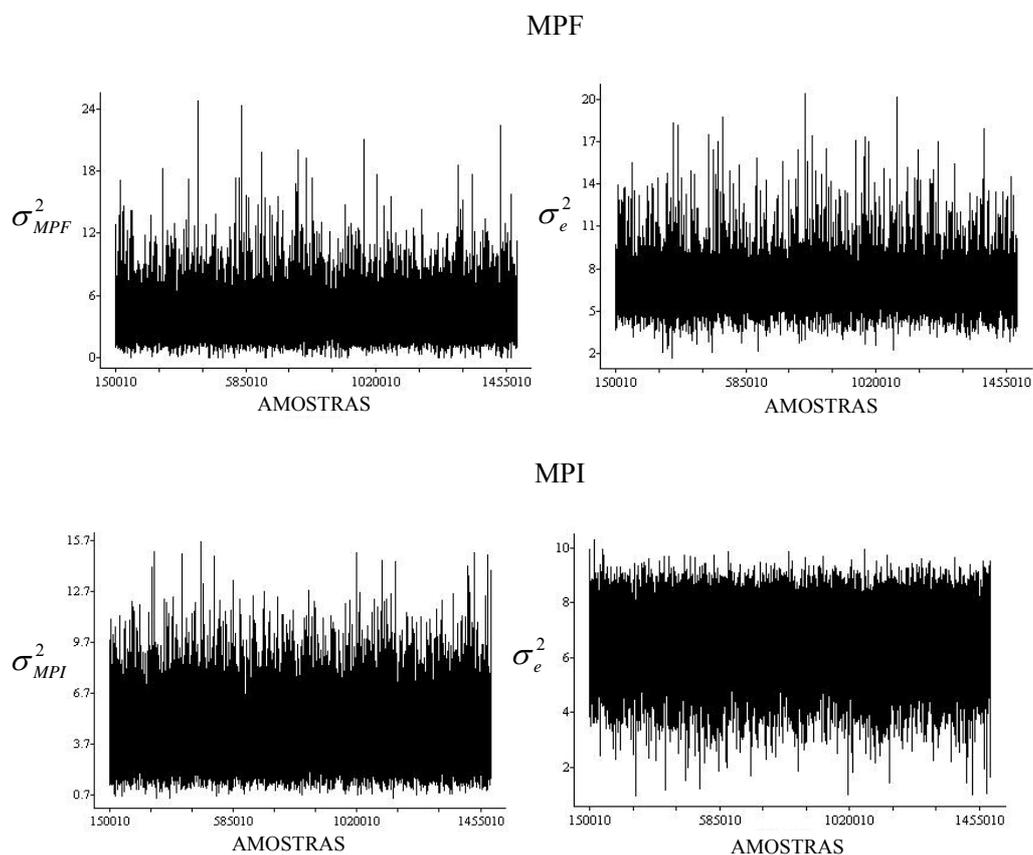


FIGURA 15A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de gordura (PG), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

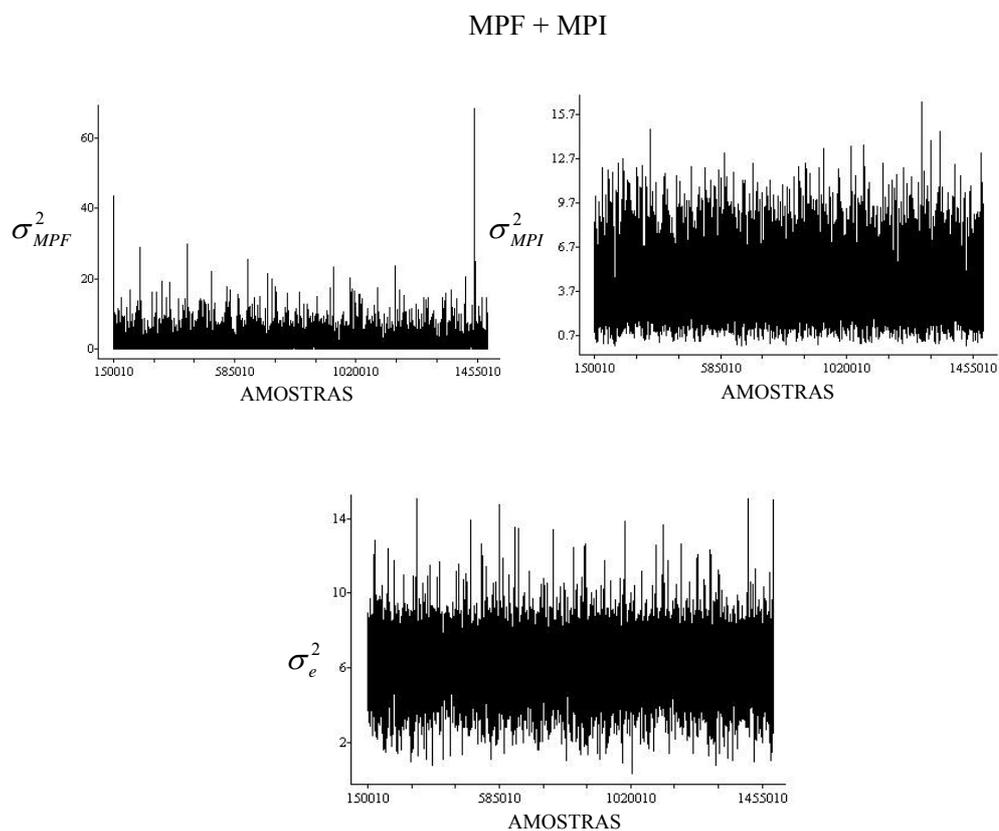


FIGURA 16A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica porcentagem de gordura (PG), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

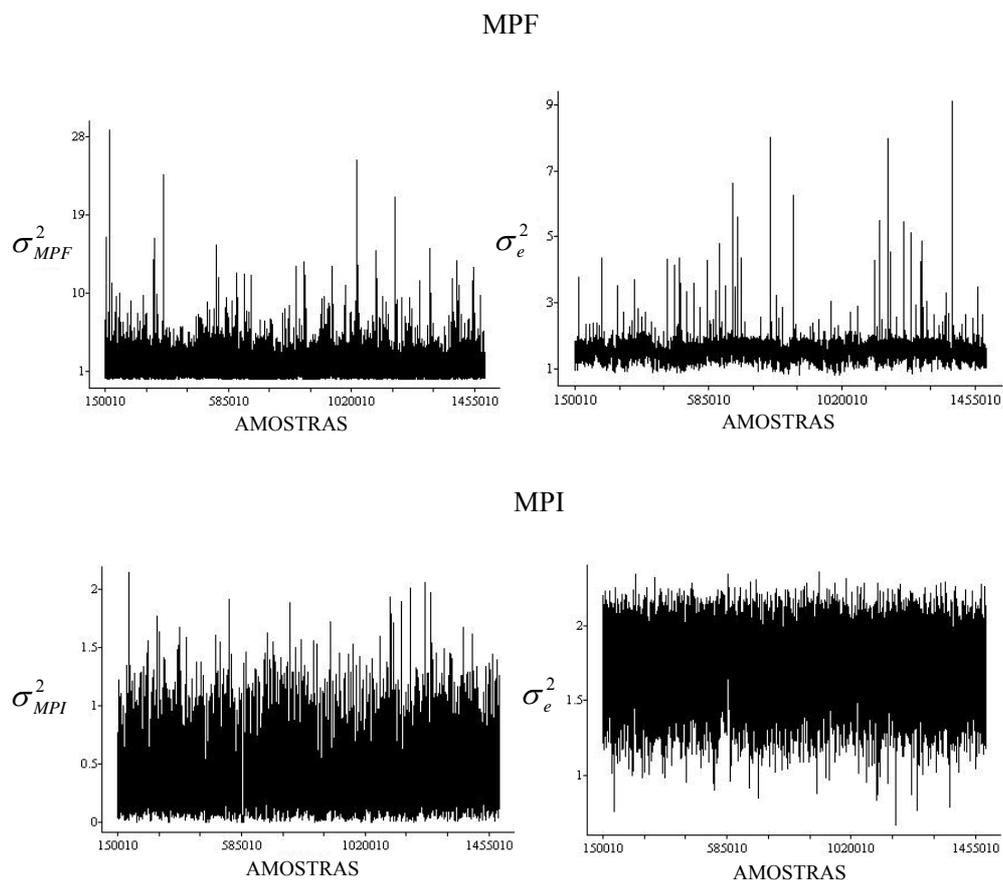


FIGURA 17A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de carcaça (RC), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

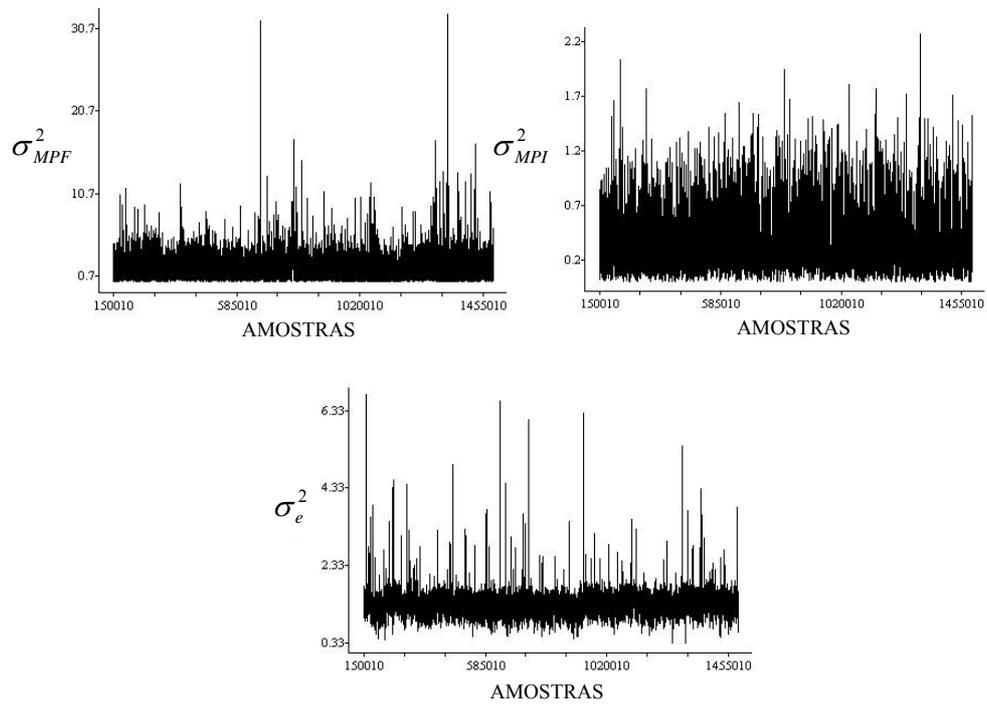


FIGURA 18A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de carcaça (RC), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

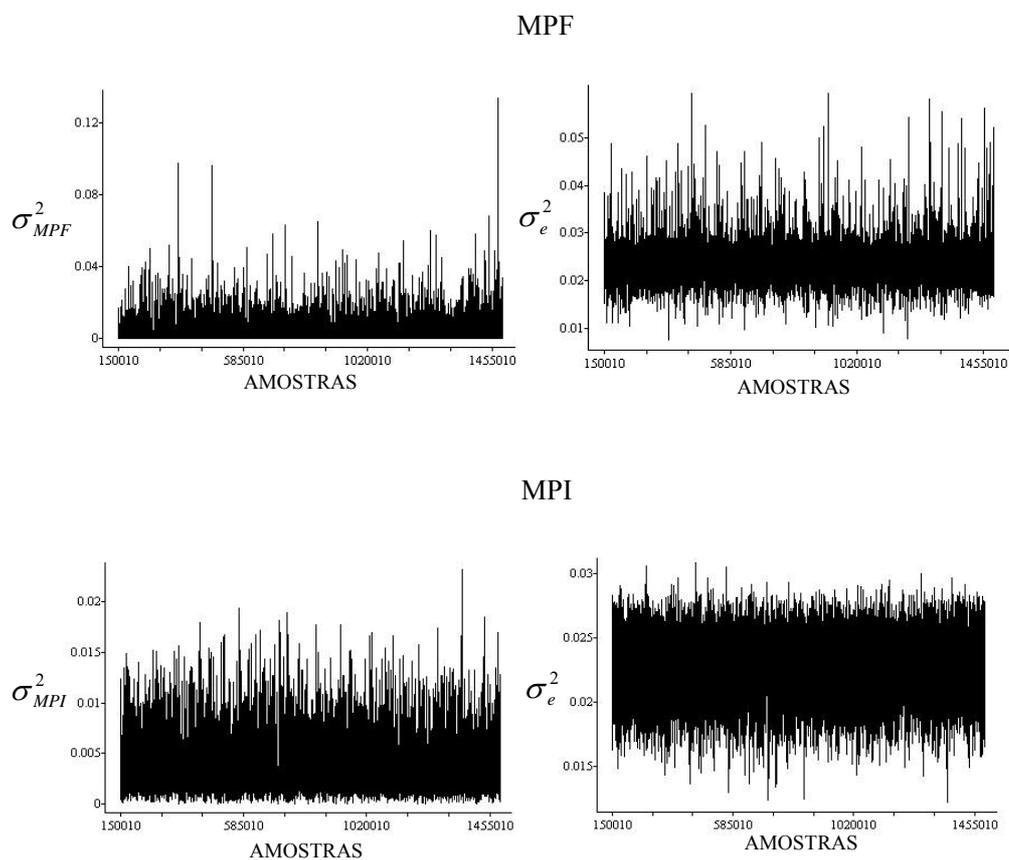


FIGURA 19A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação carne:gordura (RCG), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

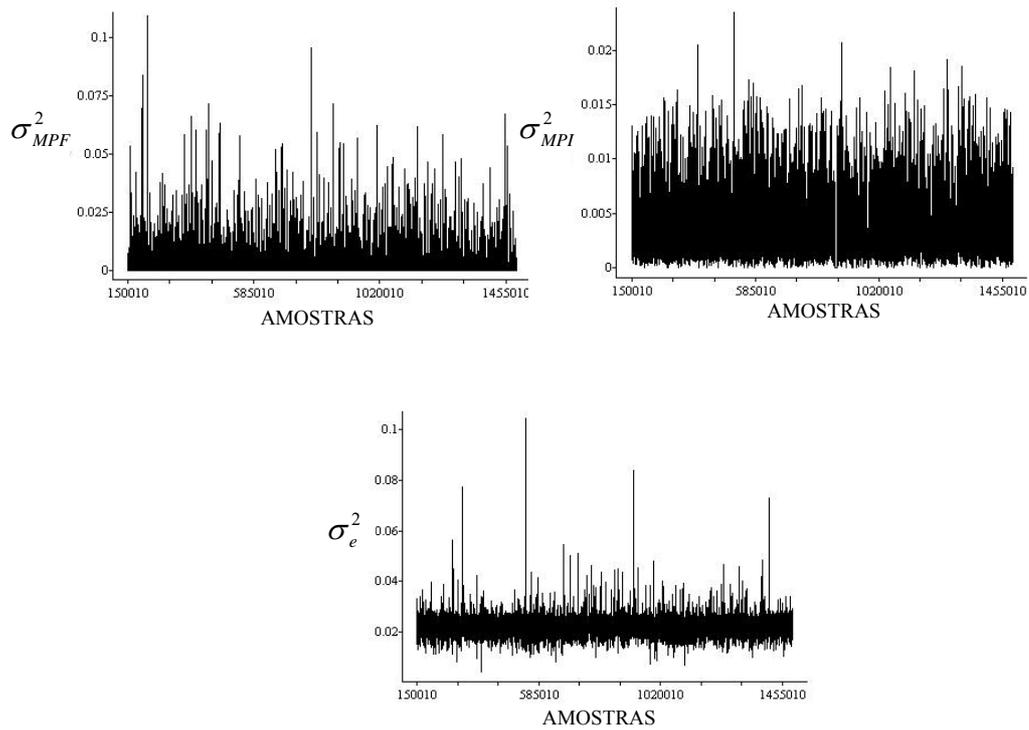


FIGURA 20A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação carne:gordura (RCG), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

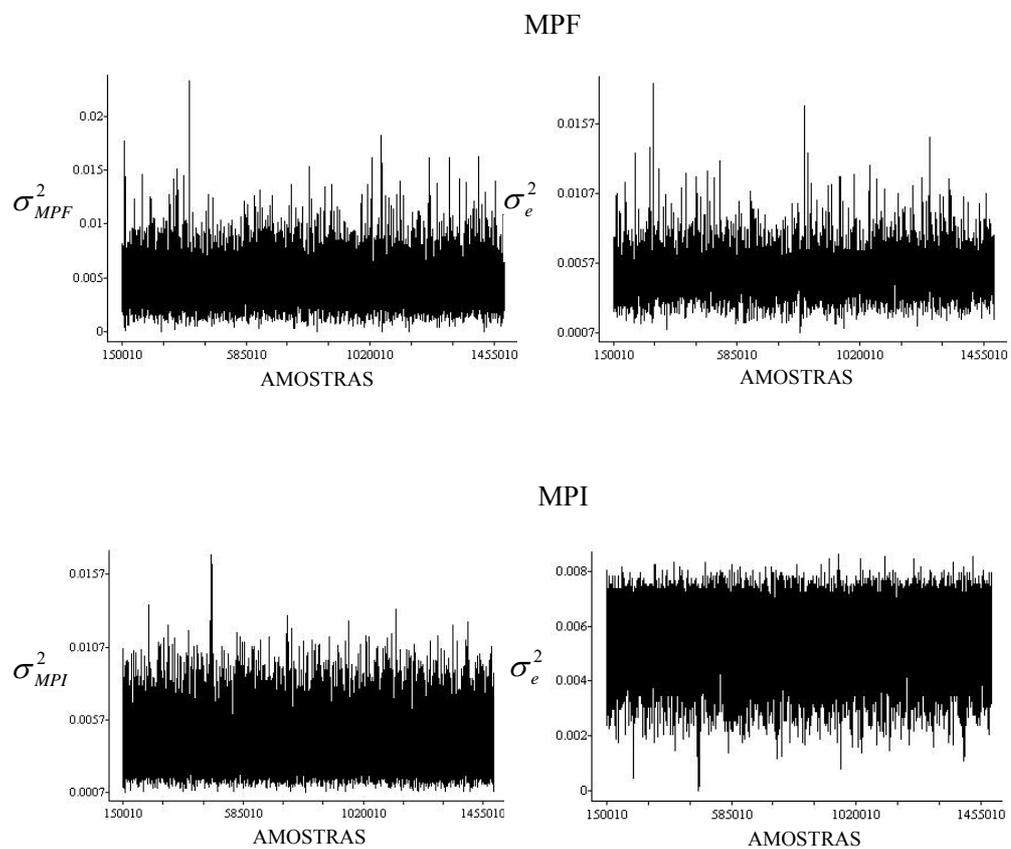


FIGURA 21A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma^2_{MPF}$  e  $\sigma^2_{MPI}$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação peso da gordura/peso da carne (RGC), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

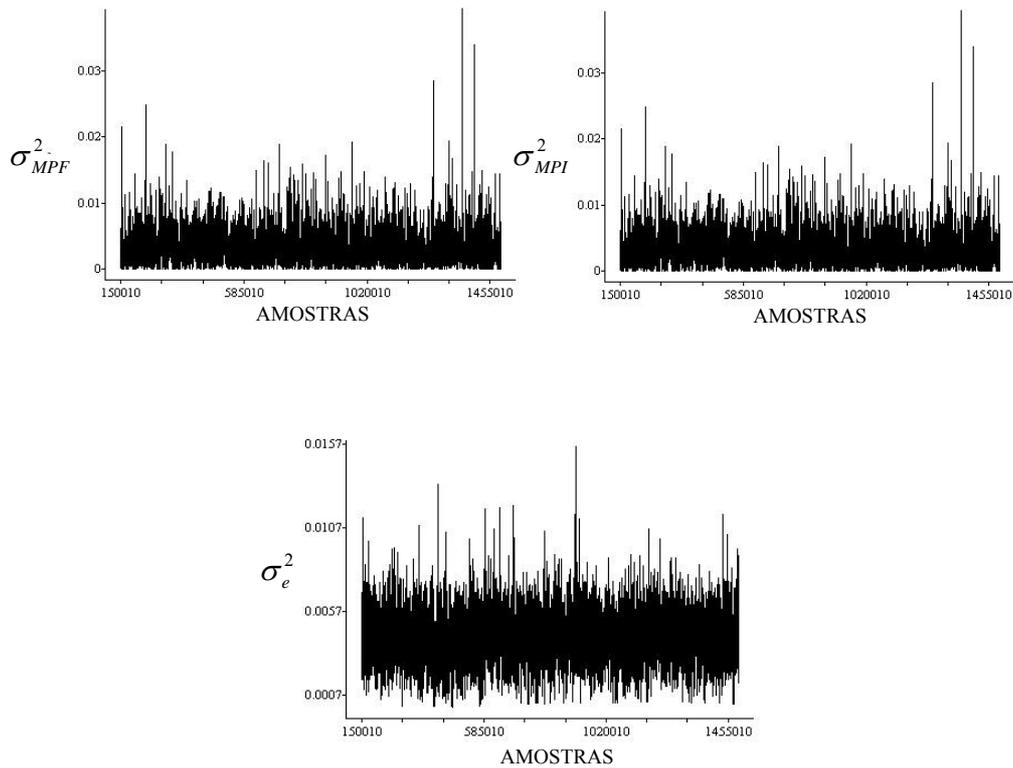


FIGURA 22A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica relação peso da gordura/peso da carne (RGC), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

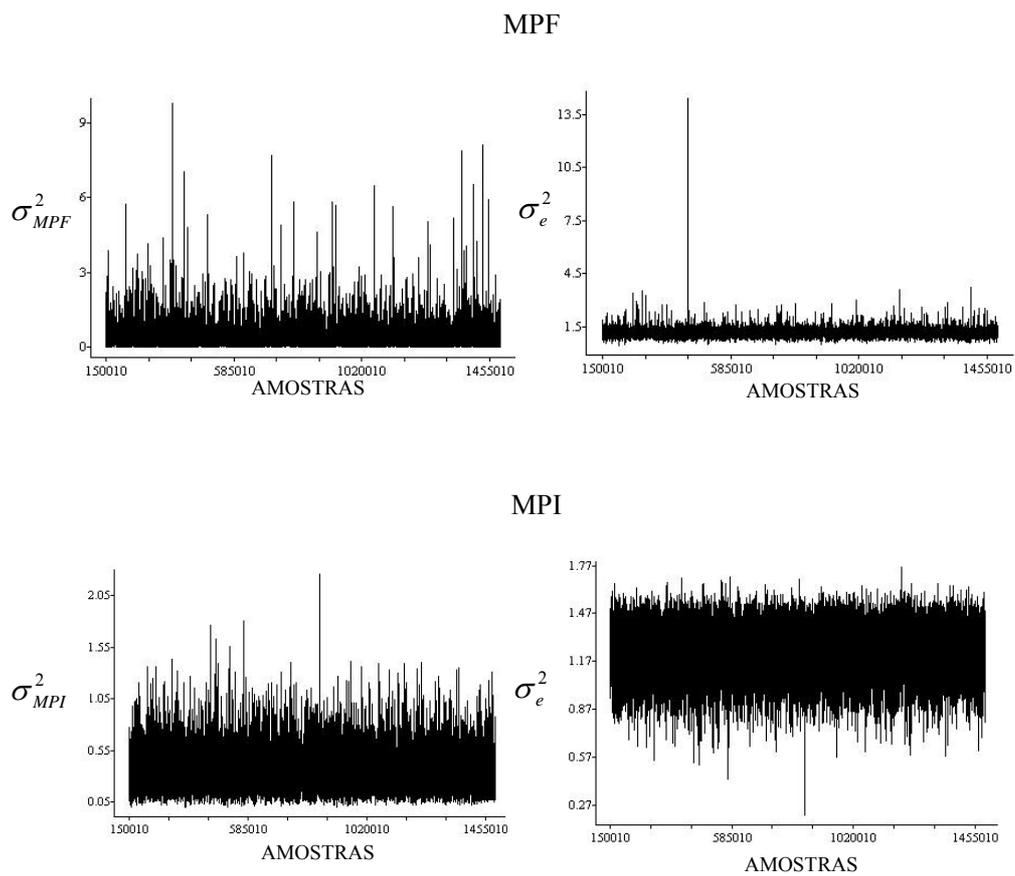


FIGURA 23A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de pernil (RP), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

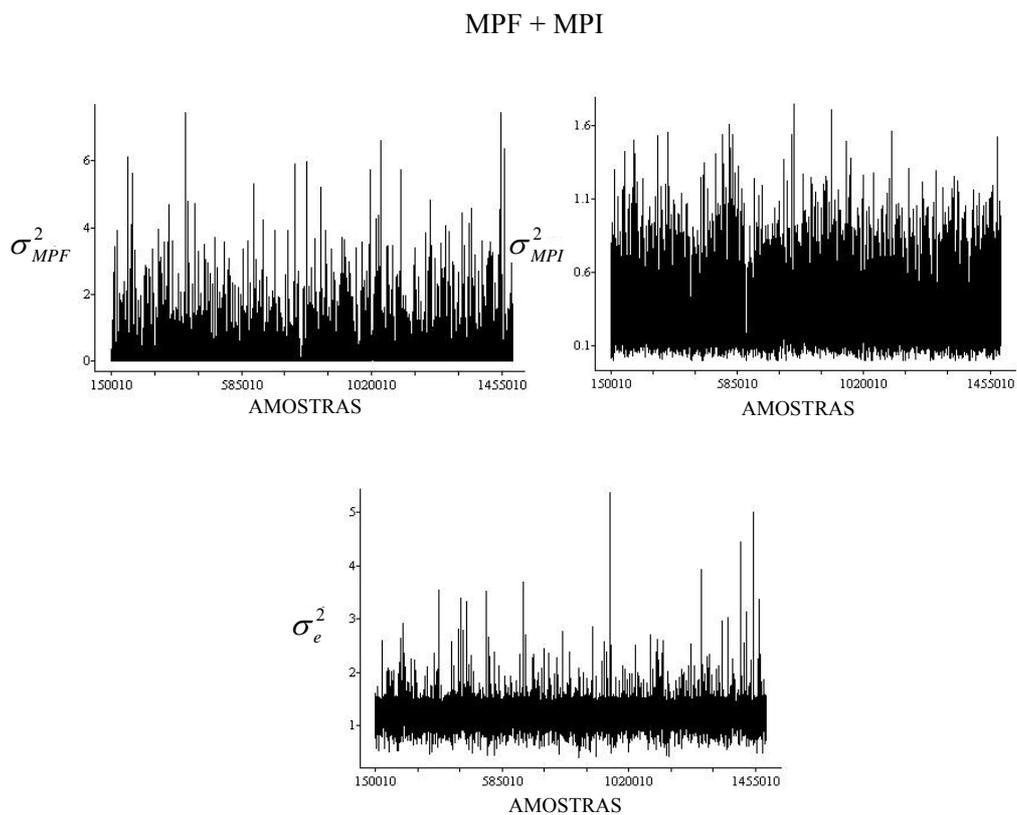


FIGURA 24A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica rendimento de pernil (RP), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).

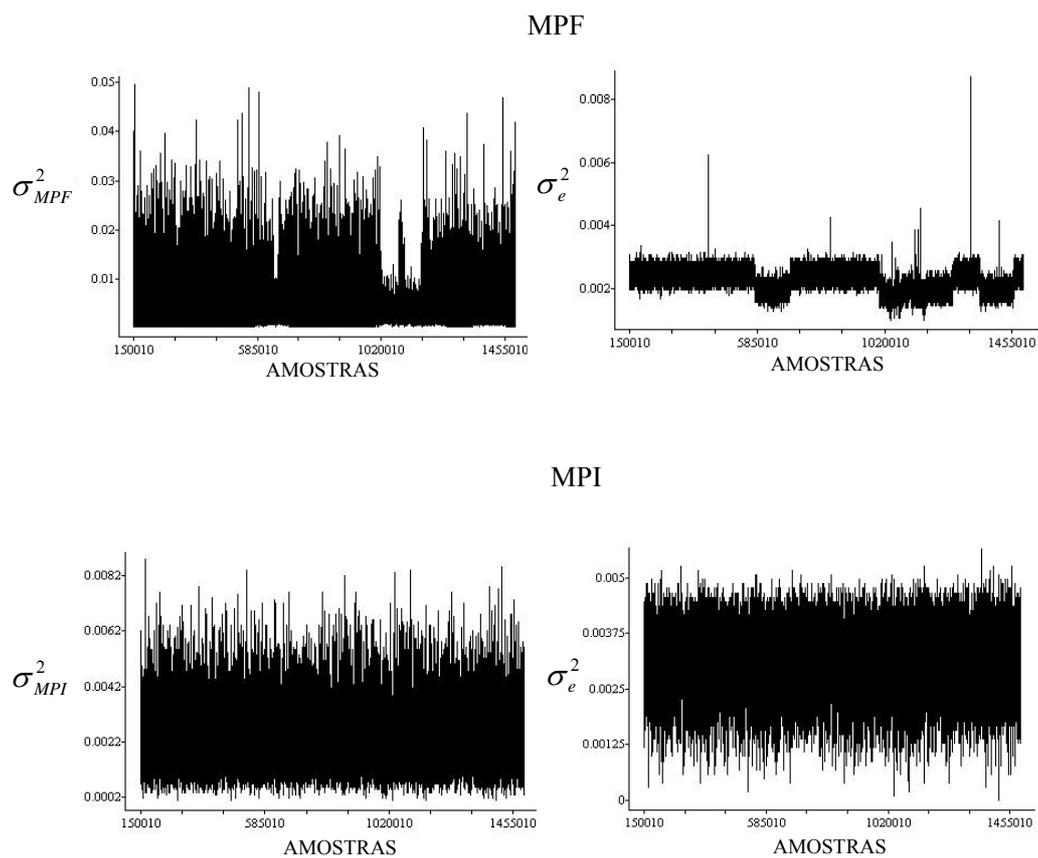


FIGURA 25A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica taxa de crescimento em músculo (TCM), quando ajustado o modelo poligênico finito (MPF) e modelo poligênico infinitesimal (MPI).

MPF + MPI

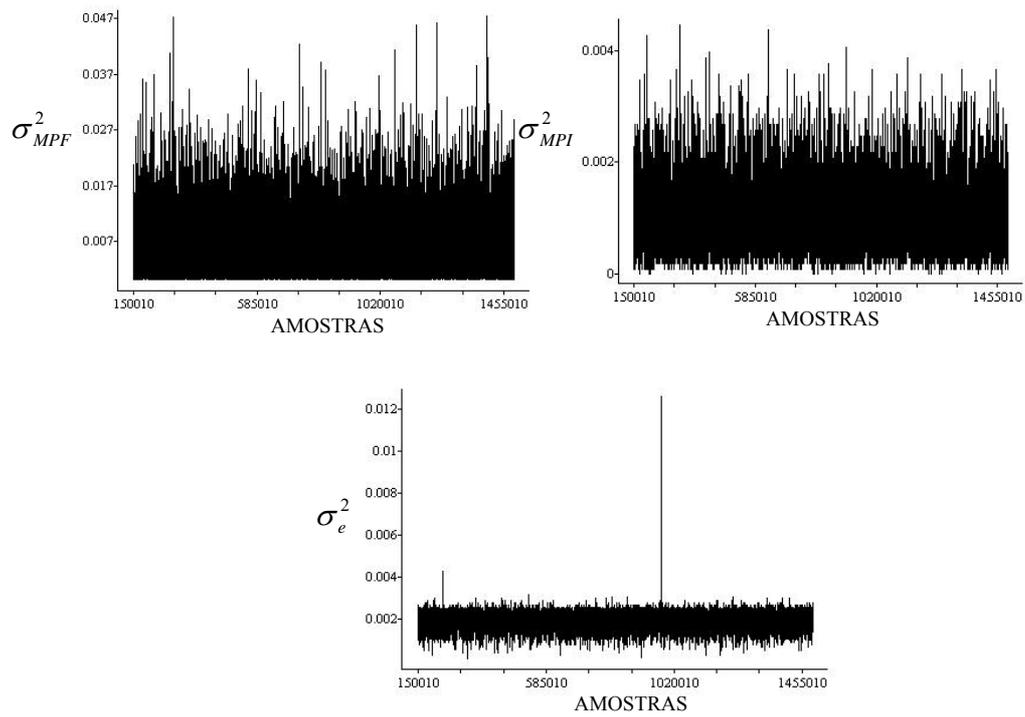


FIGURA 26A – Diagnóstico de convergência para as variâncias genéticas oligogênicas e poligênicas ( $\sigma_{MPF}^2$  e  $\sigma_{MPI}^2$ ) e da variância do erro ( $\sigma_e^2$ ), para a característica taxa de crescimento em músculo (TCM), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI).