

EDGAR ALAIN COLLAO SAENZ

APLICAÇÃO DE MODELOS ANIMAIS NA  
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM  
CARACTERÍSTICAS DE CARÇA DE SUÍNOS

Dissertação apresentada à Escola Superior de  
Agricultura de Lavras, como parte das exigências  
do Curso de Mestrado em Zootecnia, área de  
concentração em Produção Animal/Suínos, para  
obtenção do título de "Mestre".

Orientador

Prof. ANTÔNIO ILSO GOMES DE OLIVEIRA

LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL  
1994

Ficha Catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e  
Classificação da Biblioteca Central da ESAL

Collao Saenz, Edgar Alain

Aplicação de modelos animais na estimação de parâmetros genéticos em características de carcaça de suínos / Edgar Alain Collao Saenz. -- Lavras : ESAL, 1994.

57 p. : il.

Orientador: Antônio Ilson Gomes de Oliveira.  
Dissertação (Mestrado) - ESAL  
Bibliografia.

1. Suínos - Carcaça - Parâmetros genéticos. 2. Suínos - Herdabilidade. 3. Suínos - Correlações genéticas e fenotípicas. 4. Carcaça - Suínos - Modelos animais. I. Escola Superior de Agricultura de Lavras. II. Título.

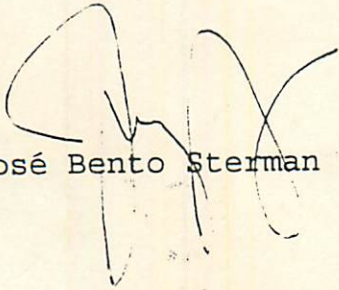
CDD-636.4082

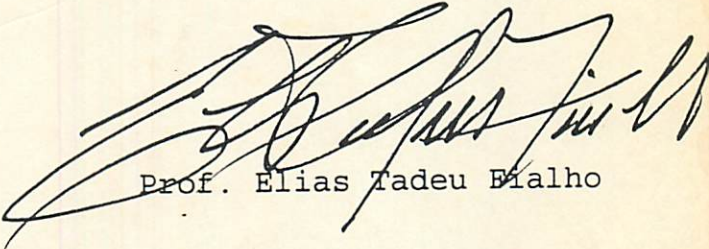
EDGAR ALAIN COLLAO SAENZ

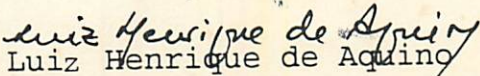
APLICAÇÃO DE MODELOS ANIMAIS NA  
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM  
CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA DE SUÍNOS

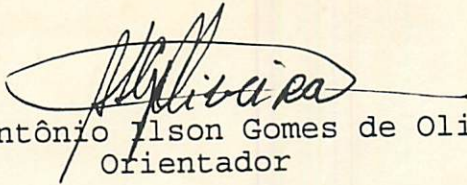
Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal/Suínos, para obtenção do título de "Mestre".

APROVADA em 25 de novembro de 1994

  
Prof. José Bento Stermann Ferraz

  
Prof. Elias Tadeu Bialho

  
Prof. Luiz Henrique de Aquino

  
Prof. Antônio Ilson Gomes de Oliveira  
Orientador

Aos meus pais e aos meus  
irmãos no Brasil

OFEREÇO E DEDICO

## AGRADECIMENTOS

O autor expressa seus agradecimentos:

À Escola Superior de Agricultura de Lavras;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq);

Aos Professores e Funcionários do Departamento de Zootecnia-ESAL;

À Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo em Pirassununga-SP, pela concessão dos computadores para a análise dos dados;

Ao orientador - Prof. Antônio Ilson Gomes de Oliveira;

Aos co-orientadores - Prof. José Bento Sterman Ferraz;

- Prof. Luís Henrique de Aquino;

- Prof. Elias Tadeu Fialho;

- Prof. José Augusto de Freitas Lima;

Ao Professor César Brasil Pinto do Departamento de Biologia;

Ao funcionário Hélio Rodrigues pela amizade e inestimável apoio durante a coleta de dados;

À Licenciada Maria Delisete M. Assunção e aos funcionários do Restaurante Universitário e COOPESAL pelo auxílio durante a dissecação das carcaças;

À Família Dorizzotto pela amizade e afeto;

Aos amigos, Carlos E. F. Brito, Bruno Moraes e Edson Pozza pelos conselhos e incentivo;

Aos amigos Eugênio M. Pires, Fábio Albertini, Gustavo Guimarães, Washington O. Pholio, Jorge H. Toledo, Evandro Caron e André Santiago pela amizade e saudável convivência;

Aos colegas do Curso de Mestrado, Vera, Iraídes, Maria Emília, Eliane, Ingrid, Robson e Paulinho pelo suporte e companheirismo;

À minha esposa Juciara pelo carinho e paciência;

A todos que direta ou indiretamente colaboraram para que esse trabalho pudesse ser realizado.

## SUMÁRIO

|  | página |
|--|--------|
| LISTA DE TABELAS .....   | vii    |
| RESUMO .....   | ix     |
| SUMMARY .....  | xi     |
| 1 INTRODUÇÃO .....   | 1      |
| 2 REVISÃO DE LITERATURA .....  | 3      |
| 2.1 Estimação de parâmetros genéticos .....  | 3      |
| 2.2 Métodos de estimação .....   | 8      |
| 2.2.1 Métodos de máxima verossimilhança .....  | 9      |
| 2.2.2 Métodos de máxima verossimilhança restrita livre da<br>função densidade de probabilidade ..... | 10     |
| 2.3 Os modelos animais .....   | 11     |
| 2.4 Efeitos não genéticos nas características de carcaça...  | 14     |
| 3 MATERIAL E MÉTODOS .....   | 20     |
| 3.1 Origem dos dados .....   | 21     |
| 3.2 Variáveis analisadas .....   | 22     |
| 3.3 Preparação e análise dos dados sob modelo animal .....   | 23     |
| 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....   | 29     |
| 4.1 Escolha do modelo .....  | 29     |
| 4.2 Estimativas de herdabilidade .....   | 32     |
| 4.3 Correlações .....  | 42     |
| 5 CONCLUSÕES .....   | 49     |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....   | 51     |

## LISTA DE TABELAS

| Tabela |   | página |
|--------|---|--------|
| 1      | Estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho .....   | 5      |
| 2      | Estimativas de herdabilidade para comprimento de carcaça, rendimento de pernil e área de olho de lombo .....  | 6      |
| 3      | Estimativas de herdabilidade para rendimento de carcaça, relação carne-gordura, porcino-<br>tagem de cortes magros e porcentagem de carne   | 6      |
| 4      | Número de reprodutores, matrizes e progênes<br>avaliadas por ano .....  | 22     |
| 5      | Número de iterações e tempo de processamento<br>de análises univariadas para características<br>de carcaça de suínos. Modelo 1 .....  | 30     |
| 6      | Número de iterações e tempo de processamento<br>de análises univariadas para características<br>de carcaça de suínos. Modelo 2 .....  | 31     |
| 7      | Valores de $h^2$ e $c^2$ para características de<br>carcaça de suínos em análise univariada ....  | 33     |
| 8      | Valores de $h^2$ e $c^2$ para características de<br>carcaça de suínos em análise bivariada ....   | 34     |
| 9      | Estimativas obtidas pelo modelo 1, de corre-<br>lações genéticas (acima da diagonal) e feno-<br>típicas (abaixo da diagonal) entre carac-<br>terísticas de carcaça de suínos da raça<br>Large White ..... | 43     |

|    |   |    |
|----|---|----|
| 10 | Estimativas obtidas pelo modelo 2, de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre características de carcaça de suínos da raça Large White ..... | 44 |
| 11 | Estimativas obtidas pelo modelo 2, de correlações de $c^2$ (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre características de carcaça de suínos da raça Large White .....  | 45 |

## RESUMO

COLLAO SAENZ, E. A. Aplicação de modelos animais na estimação de parâmetros genéticos em características de carcaça de suínos. Lavras: ESAL, 1994. 57p. (Dissertação - Mestrado em Produção Animal/Suínos) \*.

Com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos para características de carcaça, estudando ao mesmo tempo a possibilidade de se obterem tais estimativas a partir de um conjunto de dados limitado, quinze variáveis de classificação e dissecação de carcaça foram analisadas usando a metodologia de modelos mistos sob modelo animal, a partir de um conjunto de dados coletado no Departamento de Zootecnia da ESAL no período 1989-1994, com 412 registros e igual número de observações para todas as características. Dois modelos foram utilizados: Modelo 1 com a forma básica do modelo misto sob modelo animal, incluindo efeitos genéticos diretos do animal (EGDA) e Modelo 2, incluindo EGDA e efeito comum de leitegada (ECL). O Modelo 2 apresentou uma redução expressiva das estimativas de herdabilidade, mostrando que ECL, são responsáveis por uma fração importante da variância fenotípica e que a não consideração de tais efeitos, assim como os efeitos de endogamia presentes em populações pequenas,

\* Orientador: Antônio Ilson Gomes de Oliveira; Membros da banca: José B. S. Ferraz, Elias T. Fialho e Luiz Henrique de Aquino.

podem levar à obtenção de valores superestimados. As estimativas de herdabilidade de comprimento de carcaça, área de olho de lombo (AOL), relação carne-gordura, porcentagem de cortes magros e porcentagem de gordura, sugerem que estas variáveis apresentariam boa resposta em programas de seleção. O uso do peso de pernil como critério de seleção, levaria à obtenção de carcaças de melhor qualidade, vista a elevada correlação genética positiva obtida com as porcentagens de carne e de cortes magros. Iguamente, trabalhos de seleção para espessura média de toucinho e  $P_2$  podem ser eficazes, tendo em vista a alta correlação genética negativa com a maioria das características desejáveis de carcaça. A AOL mostrou ser um bom indicador da quantidade de carne presente no animal. Os expressivos valores observados para efeito permanente de leitegada, mostram que conjuntos de dados pequenos, devem ter uma estrutura que evite leitegadas com poucos indivíduos, as quais podem provocar a absorção dos efeitos diretos do animal pelos efeitos permanentes de leitegada, sendo mais importante a estrutura do que o número de dados em conjuntos com menos de 1000 observações.

## SUMMARY

ANIMAL MODELS APPLICATION ON ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS IN SWINE CARCASS TRAITS.

To estimate genetic and phenotypic parameters of carcass traits as well as to study the possibility of obtain reliable parameters using a limited data set, fifteen traits (classification and dissection) were analyzed using animal model and DFREML procedures. A complete data set (equal number of observations for each characteristics) from 412 Large White swine was collected at the Animal Science Department of the Escola Superior de Agricultura de Lavras - ESAL, from 1989 to 1994. Two models were used, Model 1 with the basic form of mixed models, included only the additive genetic effect of the animal (AGEA), Model 2 included AGEA and common litter environmental effect (CMEE). Analyses by Model 2 had an expressive reduction of  $h^2$  estimates showing a significant contribution of CMEE to phenotypic variance, models without CMEE as well as endogamy effect present in small populations, should bring on overestimate  $h^2$  values. The  $h^2$  estimates of carcass lenght, loin eye area, lean-fat relation, lean cuts percentage and fat percentage,

suggest that those traits should have good response in selection programs. High positive correlation among ham weight and carcass quality traits (lean cuts percentage and lean percentage), suggests that use of ham weight as a selection trait should bring on more quality carcasses. Average backfat thickness and  $P_2$  showed high negative genetic correlations with the majority of the desirable carcass traits. Loin eye area were a good indicator of the amount of lean in the carcass. The observed values suggested that little data set, must avoid litters with few individuals, which may cause the absorption of AGEA by CMEE, being more important the structure than the number of data in small data set (less than 1000 observations).

## 1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético na suinocultura é obtido por meio da criação seletiva de indivíduos geneticamente superiores identificados por diferentes métodos de estimação do valor genético, e do manejo eficiente dos diferentes sistemas de acasalamentos dentro das raças ou em cruzamentos.

Em suínos, o melhoramento genético tem se concentrado, basicamente, nas características de produção e qualidade de carcaça, as quais, possuem de média a alta herdabilidade, evidenciando grande variabilidade genética e viabilizando o uso da seleção como meio mais importante para o melhoramento.]

Parâmetros genéticos e fenotípicos de populações de suínos têm sido estimados em inúmeros trabalhos. No entanto, Alves (1977) observou que, em consequência da variação ambiental, constituição genética da população, métodos de coleta de dados e tipo de análise entre outros fatores, estas estimativas variam consideravelmente, tornando-se necessária a obtenção das mesmas nos diferentes rebanhos, uma vez que a eficiência da seleção depende das magnitudes desses parâmetros na população a ser selecionada.

A estimação de componentes de variância e covariância por procedimentos de máxima verossimilhança restrita (REML) é na atualidade considerado como o melhor método para dados não balanceados em melhoramento animal. O termo "modelo animal" designa uma série de modelos diferentes que consideram na solução do sistema de equações, a matriz de parentesco de todos os animais com informações disponíveis na tentativa de predizer da maneira mais próxima possível os parâmetros genéticos utilizados no melhoramento animal.

O presente trabalho objetivou utilizar modelos mistos sob modelos animais para estimar, através de Máxima Verossimilhança Restrita em algoritmo livre de derivadas, os valores de herdabilidade e correlações para características de carcaça de suínos, estudando ao mesmo tempo a possibilidade de se obterem estimativas com boa precisão em um pequeno conjunto de dados.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Estimação de parâmetros genéticos

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 freqüentemente com amostras, que são frações variáveis da população e que se constituem por indivíduos tomados ao acaso. Uma importante qualidade dessas amostras aleatórias é que as suas médias e variâncias são estimativas das verdadeiras média e variância da população (parâmetros) sendo tão próximas a estas quanto possível.

A herdabilidade é a fração da variância fenotípica atribuída às diferenças entre os genótipos dos indivíduos de uma população. Este parâmetro reflete a variação dos valores genéticos aditivos, importantes para se determinar nos programas de melhoramento quanto da superioridade dos indivíduos

selecionados pode ser transmitida para os seus descendentes. Esta variável possibilita o cálculo do ganho genético anual esperado, decorrente do processo seletivo. Resultados obtidos por diversos autores (Tabelas 1 a 3) mostram que características de carcaça, apresentam, em geral, valores de herdabilidade elevados.

Embora tais estimativas sirvam como referencial teórico, Silva (1982) verificou que, a utilização, em programas de seleção, de estimativas de herdabilidade "emprestadas" de outras populações, é quase sempre prejudicial e é condenável em um programa sério de melhoramento genético. Na melhor das hipóteses, o efeito de tal prática poderá ser a total inocuidade dos ditos programas, ou seja perda de tempo e dinheiro.

Diversas características nos animais são geralmente correlacionadas e por isto torna-se importante conhecer a magnitude e direção (positiva ou negativa) de tais correlações, uma vez que a seleção para uma poderá provocar mudanças em outras características. O conhecimento das correlações entre características é importante ao se formularem programas de seleção eficientes.

Tabela 1 - Estimativas de Herdabilidade para Espessura de Toucinho.

| Referências                           | Observações     |                   |                            | h <sup>2</sup> |
|---------------------------------------|-----------------|-------------------|----------------------------|----------------|
|                                       | Peso Final (Kg) | Raça <sup>1</sup> | Método Estim. <sup>2</sup> |                |
| <b>Espessura de toucinho (Paleta)</b> |                 |                   |                            |                |
| Scott, Kennedy e Moxley (1984)        | 90              | LD, Y             | ML                         | 0,12           |
| Catalan (1986)                        | 100             | LW                | LS                         | 0,52           |
| Geri et al. (1991)                    | 95 e 145        | LW                | LS                         | 0,45           |
| <b>Espessura de toucinho (Lombo)</b>  |                 |                   |                            |                |
| Scott, Kennedy e Moxley (1984)        | 90              | LD, Y             | ML                         | 0,16           |
| Catalan (1986)                        | 100             | LW                | LS                         | 0,45           |
| Geri et al. (1991)                    | 95 e 145        | LW                | LS                         | 0,07           |
| Lo et al. (1992)                      | 104             | LD, D             | REML                       | 0,54           |
| <b>Espessura de toucinho (Média)</b>  |                 |                   |                            |                |
| Scott, Kennedy e Moxley (1984)        | 90              | LD, Y             | ML                         | 0,16           |
| Catalan (1986)                        | 100             | LW                | LS                         | 0,45           |
| Costa et al. (1986)                   | ---             | LD, LW, D         | LS                         | 0,88           |
| Bereskin (1987)                       | 91              | Y, D              | LS                         | 0,63           |
| Kaplon et al. (1991)                  | 100             | LW                | REML                       | 0,29           |
| Mishra e Sharma (1991)                | 50-75           | LW, Y             | REML                       | 0,53           |
| Bryner et al. (1992)                  | 105             | Y                 | REML                       | 0,56           |
| Lo et al. (1992)                      | 104             | LD, D             | REML                       | 0,61           |
| Ferraz e Johnson (1993)               | 104             | LD, LW            | REML                       | 0,39-0,65      |

1 - LW = Large White; LD = Landrace; Y = Yorkshire; D = Duroc

2 - LS = Quadrados Mínimos; ML = Máxima Verossimilhança;

Tabela 2 - Estimativas de Herdabilidade para Comprimento de Carcaça, Rendimento de Pernil e Área de Olho de Lombo.

| Referências                        | Observações        |                   |                               | h <sup>2</sup> |
|------------------------------------|--------------------|-------------------|-------------------------------|----------------|
|                                    | Peso Final<br>(Kg) | Raça <sup>1</sup> | Método<br>Estim. <sup>2</sup> |                |
| <b>Comprimento de Carcaça</b>      |                    |                   |                               |                |
| Rahnefeld, Cliplef e Garnet (1983) | -----              | Y                 | LS                            | 0,53           |
| Costa et al. (1986)                | -----              | LD, LW, D         | LS                            | 0,57           |
| Catalan (1986)                     | 100                | LW                | LS                            | 0,63           |
| Geri et al. (1991)                 | 95 e 145           | LW                | LS                            | 0,89           |
| Mishra e Sharma (1991)             | 50-75              | LW, Y             | REML                          | 0,02           |
| Lo et al. (1992)                   | 104                | LD, D             | REML                          | 0,62           |
| <b>Rendimento de Pernil</b>        |                    |                   |                               |                |
| Rahnefeld, Cliplef e Garnet (1983) | -----              | Y                 | LS                            | 0,70           |
| Scott, Kennedy e Moxley (1984)     | 90                 | LD, Y             | ML                            | 0,23           |
| Costa et al. (1986)                | -----              | LD, LW, D         | LS                            | 0,36           |
| Catalan (1986)                     | 100                | LW                | LS                            | 0,82           |
| Mishra e Sharma (1991)             | 50-75              | LW, Y             | REML                          | 0,03           |
| <b>Área de Olho de Lombo</b>       |                    |                   |                               |                |
| Rahnefeld, Cliplef e Garnet (1983) | -----              | Y                 | LS                            | 0,28           |
| Costa et al. (1986)                | -----              | LD, LW, D         | LS                            | 0,36           |
| Catalan (1986)                     | 100                | LW                | LS                            | 0,88           |
| Bereskin (1987)                    | 91                 | Y, D              | LS                            | 0,35           |
| Geri et al. (1991)                 | 95 e 145           | LW                | LS                            | 0,67           |
| Jogi et al. (1991)                 | 90                 | MESTIÇO           | LS                            | 0,41           |
| Lo et al. (1992)                   | 104                | LD, D             | REML                          | 0,46           |

1 - LW = Large White; LD = Landrace; Y = Yorkshire; D = Duroc

2 - LS = Quadrados Mínimos; ML = Máxima Verossimilhança;

REML = Máxima Verossimilhança Restrita.

Tabela 3 - Estimativas de Herdabilidade para Rendimento de Carcaça, Relação Carne-Gordura, Porcentagem de Cortes Magros e Porcentagem de Carne.

| Referências                         | Observações     |                   |                            | h <sup>2</sup> |
|-------------------------------------|-----------------|-------------------|----------------------------|----------------|
|                                     | Peso Final (Kg) | Raça <sup>1</sup> | Método Estim. <sup>2</sup> |                |
| <b>Rendimento de Carcaça</b>        |                 |                   |                            |                |
| Costa et al. (1986)                 | -----           | LD, LW, D         | LS                         | 0,55           |
| Catalan (1986)                      | 100             | LD                | LS                         | 0,25           |
| Catalan (1986)                      | 100             | LW                | LS                         | 0,89           |
| Catalan (1986)                      | 100             | D                 | LS                         | 1.22*          |
| Jogi e Johar (1992)                 | 100             | Mestiço           | LS                         | 0,76           |
| Mishra e Sharma (1991)              | 50-75           | LW, Y             | REML                       | 0,33           |
| Ducos et al. (1993)                 | 100             | LW                | REML                       | 0,31           |
| Ducos et al. (1993)                 | 100             | LD                | REML                       | 0,39           |
| <b>Relação Carne-Gordura</b>        |                 |                   |                            |                |
| Alves (1977)                        | 100             | LD                | LS                         | 0,23           |
| Alves (1977)                        | 100             | D                 | LS                         | 0,51           |
| Costa et al. (1986)                 | -----           | LD, LW, D         | LS                         | 0,75           |
| Almeida Neto (1992)                 | 90              | LW                | LS                         | 0,14           |
| <b>Porcentagem de Cortes Magros</b> |                 |                   |                            |                |
| Bereskin (1987)                     | 91              | Y, D              | LS                         | 0,76           |
| Geri et al. (1991)                  | 95 e 145        | LW                | LS                         | 0,82           |
| Hofer, Hager e Kunzi (1992)         | Ultra-som       | Y                 | REML                       | 0,44           |
| Hofer, Hager e Kunzi (1992)         | Ultra-som       | LD                | REML                       | 0,42           |
| <b>Porcentagem de Carne</b>         |                 |                   |                            |                |
| Ducos et al. (1993)                 | 100             | LW                | REML                       | 0,60           |
| Ducos et al. (1993)                 | 100             | LD                | REML                       | 0,68           |

\* Valor fora do limite teórico esperado para herdabilidade

1 - LW = Large White; LD = Landrace; Y = Yorkshire; D = Duroc

2 - LS = Quadrados Mínimos; ML = Máxima Verossimilhança;  
REML = Máxima Verossimilhança Restrita.

## 2.2 Métodos de estimação

A acurácia das estimativas de componentes de variância, depende dos dados que se dispõem para analisar, do método estatístico e do modelo utilizados (Eler, 1994). Até pouco tempo atrás, a maioria dos trabalhos envolvendo a estimação de componentes de variância, necessários para predição de valores genéticos pela metodologia de modelos mistos, utilizavam o Método III de Henderson, o qual embora apresentasse estimativas não viciadas na teoria, na ocorrência de mudanças nas frequências gênicas devidas à deriva genética, comum em pequenas populações, ou em função da seleção em grandes populações, produzia estimativas viciadas como demonstrado por Sorensen e Kennedy (1984). Os avanços na área da computação permitiram colocar em prática novas metodologias, algumas delas com suas bases teóricas definidas há já algumas décadas mas com sua utilização inviabilizada por limitações de processamento.

Searle (1987), apresenta os fundamentos de ditos métodos e sua evolução, partindo dos métodos aplicados à análise de variância e o método dos quadrados mínimos (Henderson, 1953), seguidos dos métodos de máxima verossimilhança (ML - Maximum Likelihood; Hartley e Rao, 1967), estimação quadrática não viciada de norma mínima (MINQUE - Minimum Norm Quadratic Unbiased Estimation; Rao, 1970), máxima verossimilhança restrita (REML -

Restricted Maximum Likelihood; Patterson e Thompson, 1971) e estimação quadrática não viciada de variância mínima (MIVQUE - Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation; Rao, 1971).

### 2.2.1 Métodos de máxima verossimilhança

A máxima verossimilhança restrita (REML), introduzida por Patterson e Thompson (1971), tem-se convertido, segundo Foulley (1993), no método preferido para estimação de componentes de variância de modelos lineares mistos em animais.

A evolução para estes métodos das técnicas de máxima verossimilhança (ML) deve-se principalmente ao fato de a ML não considera a perda de graus de liberdade resultantes da estimação dos efeitos fixos do modelo tornando assim os estimadores viciados. Já, os estimadores REML são obtidos da maximização apenas da parte independente dos efeitos fixos como estabelecido por Searle (1987). Diversos algoritmos REML tem sido usados em dados de melhoramento, a maioria são iterativos e requerem repetição da formação e manipulação das equações dos modelos mistos (Boldman e Van Vleck, 1991). Eler (1994), define como iterativo o uso de cálculos repetidos onde cada efeito é estimado a partir dos registros de produção ajustados para todos os outros efeitos, o processo revisa repetidamente as estimativas de cada efeito até que não ocorram mais mudanças nos valores obtidos, atingindo assim a solução final.

Entre os principais métodos REML pode-se citar o método Expectation-Maximization (EM), largamente usado em estimação de

valor genético segundo modelos que avaliam apenas os laços genéticos obtidos pelos pais dos animais (sire model). De acordo com Misztal e Perez-Enciso (1993), algoritmos de EM para estimação de componentes de variância por REML são considerados caros porque envolvem computadores de alta capacidade para a inversão da matriz de coeficientes das equações do modelo misto, pois exigem derivadas e inversão real da matriz.

### 2.2.2 Métodos de Maxima Verossimilhança Restrita livre da <sup>derivada da</sup> função densidade de probabilidade

Os algoritmos livres de derivadas, componentes da técnica Derivative Free Restricted Maximum Likelihood - DFREML, propostos por Smith e Graser (1986) e Graser, Smith e Tier (1987), são uma alternativa menos onerosa em termos computacionais. Este método maximiza a verossimilhança pelo uso de um procedimento de procura, no qual, o logaritmo da verossimilhança é calculado por combinações das estimativas dos parâmetros até que a combinação que maximiza a verossimilhança seja encontrada num processo iterativo, não precisando portanto de inversão da matriz de coeficientes. O algoritmo requer eliminação Gaussiana com métodos de matrizes esparsas que são muito mais eficientes que a inversão (Van Vleck e Boldman, 1993).

A partir desses algoritmos, Meyer (1988) estendeu o procedimento a modelos complexos com efeitos genéticos diretos e maternos com covariâncias e efeitos aleatórios independentes

(efeito permanente de ninhada ou efeitos ambientais permanentes) em adição aos efeitos aleatórios residuais, desenvolvendo assim um sistema de programas em linguagem Fortran, DFREML, para estimação de componentes de variância. Este sistema devido aos progressos da tecnologia em computadores e ao desenvolvimento de algoritmos mais eficientes e simples encontra-se em constante evolução, é o caso de programas atualmente em desenvolvimento que possibilitarão a estimação de efeitos de dominância e epistasia.

### 2.3 Os modelos animais

O termo "modelo animal" que, segundo Henderson (1988); Keele, Long e Johnson (1991) e Ferraz (1993), foi proposto por Quaas e Pollak (1980), inicialmente descrevia o modelo genético usado para a avaliação. Atualmente o mesmo designa uma série de diferentes modelos que têm em comum o fato de considerarem, na solução do sistema de equações utilizado para predição de efeitos aleatórios, a matriz de parentesco com todas as informações conhecidas, inclusive de animais que não tenham registro de produção (Ferraz, 1993).

O modelo animal determina uma equação para cada efeito fixo ou aleatório. Exemplificando, no presente experimento, para se avaliar os valores genéticos aditivos direto e de efeito permanente de leitegada de 532 animais de ambos os sexos, pertencentes a 94 leitegadas e avaliados nos 12 meses de 5 anos

diferentes, será definido um sistema de equações com duas equações para o efeito sexo, doze para o efeito mês, cinco para o efeito ano, 532 para os efeitos de valor genético aditivo direto e 94 equações para os efeitos permanentes de leitegada, num total de 645 equações. Em uma análise bivariada (duas características ao mesmo tempo), 645 equações serão determinadas para cada característica, num total de 1290 equações.

A estimação de componentes de variância requer pouco tempo e recursos computacionais se os progenitores não têm fenótipo observado, as fêmeas estão aninhadas em machos (fêmeas acasaladas sempre com o mesmo reprodutor), os machos estão dentro de grupos com a mesma idade e os progenitores não são aparentados (modelo hierárquico de ANOVA). No entanto, de acordo com Keele, Long e Johnson (1991), na maioria dos conjuntos de dados em suínos, tanto progenitores como progênie têm seus fenótipos observados, progenitores têm sua progênie em mais de um grupo contemporâneo, a progênie de um varrão (matriz) pode ter mãe (pai) diferente do que sua progênie em outro grupo contemporâneo e o coeficiente de parentesco entre animais é diferente de zero. Portanto, o modelo animal fornece descrições mais precisas para dados de suínos do que o modelo hierárquico. No entanto, a opção pelo modelo animal requer mais recursos computacionais para obter os componentes de variância.

Partindo do fato comum em melhoramento animal de que nem sempre todas as características são medidas em todos os

animais, Boldman e Van Vleck (1991), desenvolveram um novo método baseado no uso de um programa para matrizes esparsas, o SPARSPAK (George, Liu e Ng 1980). O algoritmo com as rotinas SPARSPAK segundo Van Vleck e Boldman (1993), reduziu a necessidade de recursos computacionais e precisou de um tempo de processamento para alcançar a convergência de 100 a 600 vezes menor quando comparado com a versão original do DFREML utilizado por Meyer (1988).

As principais propriedades dos modelos animais listadas por Ferraz (1993), são:

1. Fornecer estimativas não viciadas dos efeitos fixos (BLUE), quando normalmente distribuídos e fornecer predições lineares não viciadas dos efeitos aleatórios (BLUP);
2. Independência da distribuição normal para fins de predição do valor genético;
3. Permitir a estimação conjunta de efeitos fixos e aleatórios;
4. Considerar os efeitos de endogamia sobre as estimativas, impedindo a obtenção de herdabilidades superestimadas, como foi comprovado por Hinkelman (1971), quando se trabalha com populações com certo grau de endogamia;
5. Permitir a estimação de efeitos maternos, efeitos comuns ou permanentes de ambiente e de grupos de animais;
6. Considerar os efeitos de seleção sobre as estimativas, tornando-se importantes na análise de experimentos de

- seleção e realizar ajustes devido a acasalamentos não aleatórios, podendo inclusive ser usado na análise de dados oriundos de cruzamentos;
7. Permitir utilização de registros repetidos de animais, tornando-se extremamente úteis na análise de dados de eficiência reprodutiva;
  8. Permitir a estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos através da utilização simultânea de dados de meio irmãos paternos ou maternos e irmãos completos, sem necessidade de delineamentos hierárquicos.
  9. Possibilitar a predição de valores genéticos aditivo em características limitadas pelo sexo, ou seja, tais predições podem ser obtidas para machos em características expressas em fêmeas e vice versa;
  10. Permitir a estimação de tendência genética, fenotípica e ambiental, mesmo sem a utilização de populações controle ou em dados com gerações intercaladas ou sobrepostas;
  11. Permitir a análise simultânea de características (análise multivariada).

#### 2.4 Efeitos não genéticos nas características de carcaça

Estudando os efeitos de estação e sexo no desempenho de animais Large White puros e cruzados, Schneider et al. (1982), concluíram que os efeitos de estação foram significativos ou altamente significativos para todas as medidas quantitativas de

carcaça. Animais nascidos na primavera tiveram melhor rendimento de carcaça do que animais nascidos no outono. De forma semelhante, Bruner e Swiger (1968) verificaram que leitões nascidos na primavera tiveram maior ganho de peso final, mas com uma diminuição na porcentagem de cortes magros. No entanto, Grandi (1992) na Itália e Singh e Mishra (1992) na Índia, não constataram efeitos significativos de estação para características de carcaça.

Em experimento realizado com a raça Yorkshire em duas épocas diferentes do ano, fevereiro e julho, em animais abatidos com 120, 160, 200 e 240 dias de idade, Berry et al. (1970), verificaram que a época do ano teve efeito significativo no comprimento de carcaça ( $P < 0,01$ ), já que suínos cujos testes foram conduzidos durante o inverno, primavera e verão, apresentaram carcaças mais compridas do que aqueles cujo teste foi conduzido durante o verão, outono e inverno. Posteriormente Stähly e Cromwell (1979), descreveram a ocorrência de uma depressão no comprimento de carcaça para animais testados em temperaturas mais baixas. Berry et al. (1970), também encontraram diferenças significativas na área de olho de lombo.

Bruner e Swiger (1968), trabalhando com seis raças (Duroc, Hampshire, Landrace, Poland China, Spotted e Yorkshire), constataram em todas elas maior rendimento de pernil para suínos abatidos no verão. Alves (1977) verificou que o ano de teste influenciou significativamente o peso do pernil.

A obtenção por parte de alguns autores, de efeitos de estação significativos, pode estar relacionada com o local onde esses trabalhos foram realizados, isto é, regiões ou países com diferenças climáticas mais acentuadas, apresentaram efeitos significativos de estação nas características de carcaça.

Por outro lado, fêmeas quando comparadas com machos castrados apresentam diferenças importantes no peso individual e medidas quantitativas de carcaça; Schneider et al. (1982), observaram que fêmeas pesaram menos em todas as idades, mas, produzem carcaças superiores, concordando com Cruz Bustillo, Diéguez e Gonzáles (1987). Posteriormente, Langlois e Minvielle (1989) obtiveram resultados semelhantes, concluindo que machos castrados ganham peso mais rápido do que as fêmeas, embora, as fêmeas apresentem melhor rendimento de carcaça. Entretanto, Christian, Strock e Carlson (1980) e Catalan (1986), não encontraram efeito de sexo no rendimento de carcaça. Carcaças superiores em fêmeas têm sido normalmente observadas na literatura em relação a machos castrados, tendo Albério et al. (1983),<sup>\*</sup> Scott, Kennedy e Moxley (1984), Kumar e Barsaul (1987) e<sup>\*</sup> Oliveira (1988), obtido carcaças mais magras nas fêmeas, sendo que os primeiros também verificaram carcaças mais compridas. Estes efeitos estão relacionados com a produção de testosterona que é o principal hormônio masculino e tem um efeito anabólico superior ao de qualquer esteróide natural. A testosterona segundo Murray et al. (1992), promove aumento na quantidade de RNA

celular total, o que estimula a síntese de proteína muscular e deposição de tecido. Por outro lado, Fialho et al. (1982), constataram maior retenção de nitrogênio em suínos inteiros, o que é explicado pela presença de hormônios sexuais, sugerindo que, os hormônios andrógenos aumentam a retenção de nitrogênio, fósforo e potássio, incrementando, assim, o anabolismo de proteínas e formação de lipídeos.

Trabalhando com suínos de diferentes raças, Ellis et al. (1983), observaram que machos inteiros são superiores em comprimento de carcaça. Já Catalan (1986), obteve diferença significativa apenas para a raça Landrace. Machos inteiros em geral, apresentam maiores porcentagens de músculo e menor espessura de toucinho do que castrados (Judge et al., 1990).

Scott, Kennedy e Moxley (1984), constataram que as diferenças entre sexo foram significativas em todas as medidas de espessura de toucinho na carcaça. As fêmeas tiveram menores espessuras de toucinho costal que machos castrados; sendo que, diferenças significativas de sexo foram observadas na distribuição da gordura costal, tendo as fêmeas proporcionalmente maior espessura de toucinho na primeira costela e relativamente menor na última costela que os machos castrados.

Trabalhando com a diferença na deposição de gordura entre machos castrados e fêmeas, Grandi (1992), observou que a castração resultou em aumento da espessura de toucinho e porcentagem de gordura e redução da porcentagem de cortes magros.

Em relação ao músculo "longissimus dorsi", maiores áreas de olho de lombo foram encontradas nas fêmeas em relação aos machos castrados (Oliveira, 1988; Grandi, 1992). Sather, Jones e Joyal (1991), observaram a mesma tendência ( $P < 0,01$ ) comparando fêmeas e machos inteiros. Nunes, López e Nicolaiewsky (1980) e Judge et al. (1990), verificaram que suínos inteiros apresentam maior área de olho de lombo do que os castrados.

O sexo não influenciou no rendimento de pernil ( $P > 0,05$ ) em nenhuma das raças (Duroc, Landrace e Large White) estudadas por Catalan (1986), embora houvesse uma leve superioridade no rendimento de pernil das fêmeas das raças Large White e Duroc e dos machos inteiros da raça Landrace. A não existência de efeito significativo de sexo sobre rendimento de pernil foram também descritas por Scott et al. (1984) em trabalhos com fêmeas e machos castrados nas raças Landrace e Yorkshire. Entretanto, Oliveira (1988) observou maior rendimento de pernil nas fêmeas em relação aos machos castrados concordando com Cruz Bustillo et al. (1987) que encontraram maior rendimento de pernil ( $P < 0,05$ ), para machos inteiros e fêmeas quando comparados com machos castrados.

As diferenças entre machos, fêmeas e machos castrados, são importantes para todas as características analisadas. A castração afeta a produção de testosterona nos testículos, e não permite que animais castrados desenvolvam as características sexuais secundárias masculinas. Por sua parte, as fêmeas

mostram-se superiores aos animais castrados, porque os estrógenos produzidos por elas, possuem efeitos anabólicos sobre ossos e cartilagens, sendo, portanto, promotores de crescimento.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no período de outubro de 1992 a março de 1994, no setor de Suinocultura do Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura de Lavras, situada no município de Lavras, na região Sul do Estado de Minas Gerais.

O município de Lavras está localizado a 21°14' de latitude Sul e 45°00' de longitude Oeste de Greenwich, com altitude média de 910 m (Castro Neto, Sediyaama e Vilela, 1980). O clima segundo a classificação de Köppen, é do tipo CWb (Ometto, 1981), tendo duas estações distintas: chuvosa, de novembro a abril e seca de maio a outubro.

A precipitação média anual segundo Vilela e Ramalho (1980), é de 1493 mm e as temperaturas médias de máxima e mínima, 26,0 e 14,6°C respectivamente. As temperaturas médias durante o período do experimento foram 21,70, 20,28 e 22,67°C respectivamente para os anos de 1992, 1993 e 1994.

### 3.1 Origem dos dados

Os animais da raça Large White (fêmeas e machos castrados), oriundos do rebanho de suínos do Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura de Lavras, foram avaliados, em número de 100, através de suas meia-carcaças esquerdas segundo o Método Brasileiro de Classificação de Carcaças descrito pela ABCS (1973) e dissecadas de acordo com a técnica de Cuthbertson (1968), modificada por Almeida Neto (1992). Os dados foram analisados, juntamente aos obtidos em 312 animais por Almeida Neto (1992). O número total de animais no pedigree foi de 532, fazendo parte dele, todos os animais cujos registros encontravam-se disponíveis e mostravam alguma relação de parentesco com os avaliados, mesmo que eles não tenham sido avaliados.

A Tabela 4, apresenta a relação do número de reprodutores, matrizes e progênes avaliadas por ano.

Os suínos foram criados em regime intensivo com ração à vontade em comedouros semi-automáticos formulada a base de milho, farelo de soja, farelo de trigo, farinha de carne e ossos, suplementos vitamínicos e minerais, de acordo com as exigências preconizadas pelo NRC (1988).

Os animais foram abatidos ao atingir 90 kg de peso vivo em média e após ficar 24 horas sem ração e 12 horas sem água. Após a sangria, foi realizada a depilação, retirada de unhas,

Tabela 4 - Número de reprodutores, matrizes e progênes avaliadas por ano.

|                    | Anos |        |         |        |       | Total |
|--------------------|------|--------|---------|--------|-------|-------|
|                    | 1989 | 1990   | 1991    | 1993   | 1994  |       |
| Reprodutores*      | 3    | 3 (1)  | 4 (3)   | 4 (1)  | 3 (3) | 9     |
| Matrizes           | 19   | 24 (7) | 23 (11) | 15 (3) | 9 (7) | 62    |
| Progênes avaliadas | 85   | 168    | 59      | 65     | 35    | 412   |


\* O número entre parênteses indica progenitores avaliados também em anos anteriores.

evisceração, retirada de rins e gordura peri-renal, serrando-se as carcaças longitudinalmente ao meio da coluna vertebral, mantendo-se a cauda, por convenção, na meia-carcaça esquerda. As duas meia-carcaças foram pesadas separadamente, levando-se a meia-carcaça esquerda à câmara fria, onde permaneceu por 24 horas a uma temperatura de 4 a 8°C, para posterior avaliação.

### 3.2 Variáveis analisadas

As seguintes variáveis foram estudadas segundo o Método Brasileiro de Classificação de Carcaças - MBCC (ABCS, 1973):

- Peso de abate;
- Peso da carcaça fria (peso da meia carcaça esquerda após 24 horas na câmara fria);

- 
- Rendimento de carcaça (peso da carcaça quente como porcentual do peso de abate);
  - Comprimento de carcaça (do bordo cranial da sínfise pubiana ao bordo crânio ventral do atlas);
  - Espessuras de toucinho na primeira e última costelas, na última vértebra lombar e a média destas três medidas;
  - Área de olho de lombo;
  - Relação carne-gordura (obtida dividindo a área de gordura pela área de carne à altura da última costela);
  - Peso do pernil MBCC (serrado entre última e penúltima vértebras lombares e pesado com cauda e pata sem unhas);
  - Rendimento de pernil (peso do pernil MBCC como porcentual do peso de carcaça fria).

A dissecação da carcaça possibilitou o estudo das seguintes variáveis:

- $P_2$  (espessura de toucinho a 6,5 cm da linha dorsal, entre a última vértebra torácica e a primeira vértebra lombar);
- Porcentagem de carne;
- Porcentagem de gordura;
- Porcentagem de cortes magros.

### 3.3 Preparação e análise dos dados sob modelo animal

Os dados retirados das fichas de classificação e dissecação foram armazenados e ordenados no banco de dados



dBase-III plus; em microcomputadores PC 386 SX 33 MHz do Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura de Lavras. A análise foi feita no Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, em Pirassununga-SP, em um computador PC com microprocessador 486 de 66 MHz e memória RAM de 32 Megabytes. Durante a preparação dos dados, pequenos programas em dBase-IV<sup>®</sup>, versão 1.5, desenvolvidos por Ferraz (1993), foram utilizados para recodificar os dados quanto a mês e ano de nascimento, uma vez que os programas de modelo animal utilizados exigem que os efeitos fixos sejam codificados de 1 a n, onde n é o número máximo de níveis de cada efeito.

Um arquivo de pedigree contendo 532 animais foi criado no banco de dados dBase-IV<sup>®</sup>. Desses 532 animais, 108 apresentaram níveis variáveis de endogamia, tendo sido apontados, após a formação da matriz de parentesco. O arquivo de pedigree continha os dados de animal, pai e mãe, sendo que no campo de animal eram também incluídos progenitores, avós e bisavós, quando os dados de seus progenitores estavam disponíveis. O número de animais foi recodificado, uma vez que uma condição fundamental da matriz de parentesco é que o número do animal seja superior ao número dos pais.

As informações foram analisadas pelo programa MTDFREML (Multiple Trait DFREML) desenvolvido por Boldman et al. (1993) que utiliza o sistema de matrizes esparsas SPARSPAK (George, Liu e Ng, 1980), para gerar as estimativas de valor genético aditivo

ou mérito genético, seguindo basicamente a rotina sugerida por Ferraz (1992) para a estimação de componentes de variância e, conseqüentemente, parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais. A seqüência de programas utilizados por MTDFREML no presente caso foi:

1. MTDFNRM: É um programa que calcula  $A^{-1}$  (a inversa da matriz de parentesco) e é rodado apenas uma vez. O programa BINTRAN, permite a leitura em linguagem binária pelo MTDFNRM do arquivo de pedigree.
2. MTDFPREP: Este programa é rodado tantas vezes quantas forem as análises. Envolve os programas CODE e MMEE1; o CODE, ordena todos os efeitos considerados nas análises, devendo informar-se o número de efeitos fixos, covariáveis e variáveis dependentes existentes em cada registro; o MMEE1, estabelece as equações de modelos mistos e define os nomes de cada efeito, covariável e variável dependente que constarão no arquivo de saída com os resultados.
3. MTDFRUN: Soluciona as equações dos modelos mistos e apresenta os resultados para efeitos fixos e aleatórios e estimativas de componentes de variância. Envolve três programas: DFMAIN, SUBSPO e IDIAGST, os quais resolvem as matrizes através de um sistema de subrotinas FORTRAN para solução de sistemas com matrizes esparsas, o SPARSPAK (George, Liu e Ng, 1980).

Análises univariadas foram efetuadas para cada característica considerando dois modelos diferentes de análise com o fim de avaliar a importância dos efeitos ambientais aleatórios permanentes de leitegada. Foram incluídos no modelo, efeitos de sexo mês e ano de nascimento como efeitos fixos, tendo em vista que análises estatísticas preliminares, mostraram a significância destes efeitos, existindo também ampla bibliografia sobre a importância de ditos efeitos sobre as características de carcaça. Após a análise do modelo básico, incluiu-se a covariável "peso de abate" em ambos os modelos. A inclusão desta covariável, não objetivou o estudo da influência desta variável sobre as outras características de carcaça, mas o isolamento desta causa de variação do modelo. O modelo 1 considerou apenas os efeitos genéticos diretos do animal, enquanto que o modelo 2 levou em conta efeitos genéticos diretos do animal e efeitos comuns da matriz ou efeitos permanentes de leitegada, como efeitos permanentes de ambiente.

A forma básica (modelo 1) do modelo misto sob modelo animal foi:

$$\tilde{Y} = X\tilde{\beta} + Z\tilde{a} + \epsilon$$

em que:

$\tilde{Y}$  = vetor das variáveis dependentes;

$\tilde{X}$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;

$\tilde{\beta}$  = vetor dos efeitos fixos (sexo, mês e ano de nascimento)

e efeitos lineares da covariável peso de abate (quando utilizada);

$Z$  = matriz de incidência dos efeitos aleatórios (genéticos diretos);

$\underline{a}$  = vetor dos efeitos aleatórios (genéticos diretos);

$\underline{\epsilon}$  = vetor dos erros associados a cada observação.

Um modelo que considera os efeitos fixos (sexo, mês e ano de nascimento), aleatórios (efeitos genéticos diretos do animal) e efeitos permanentes de ambiente (efeitos comuns de leitegada), foi utilizado (modelo 2) :

$$\underline{Y} = \underline{X}\underline{\beta} + \underline{Z}\underline{a} + \underline{Z}\underline{c} + \underline{\epsilon}$$

onde:

$\underline{Y}$ ,  $\underline{X}$ ,  $\underline{\beta}$ ,  $\underline{Z}$ ,  $\underline{\epsilon}$  idem ao modelo 1

$\underline{a}$  = vetor dos efeitos aleatórios dos valores genéticos diretos do animal (efeito animal);

$\underline{c}$  = vetor de efeitos permanentes de leitegada;

A flexibilidade do processo de estimação, permite que pares de características sejam avaliadas em análises bivariadas para estimação de até 12 componentes de variância e covariância simultaneamente. Para este tipo de análise, utilizaram-se os mesmos modelos apresentados anteriormente, porém bivariados.

Tais modelos podem ser assim representados:

Modelo 1:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \end{bmatrix}$$

Modelo 2:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \end{bmatrix}$$

onde os índices 1 e 2 representam as duas variáveis analisadas.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Escolha do modelo

O tempo de trabalho da unidade central de processamento (UCP), para a execução das análises é um bom indicador da demanda de recursos computacionais que os modelos requerem. Ele, segundo Boldman e Van Vleck (1991), depende de vários fatores, sendo os mais importantes: o tipo de computador utilizado, o modelo de análise e a estrutura particular do conjunto de dados disponível.

O tempo de processamento entre algoritmos de convergência variou de 10,2 a 15 segundos para análises univariadas (modelos 1 e 2 respectivamente) e 19,8 a 24,9 segundos para os modelos 1 e 2 das análises bivariadas. Já o tempo final decorrido até a solução total da análise foi de 1'04" e 1'31" no modelo 1 e 2'51" e 3'47" no modelo 2 nas análises univariadas. As análises bivariadas demoraram em média 10'35" e 25'58" (modelos 1 e 2 respectivamente) até atingir a

convergência. Em conseqüência o tempo necessário para solução das análises foi em média 10 vezes maior nas análises bivariadas do modelo 1 e 17 vezes maior nas bivariadas do modelo 2.

O número de iterações executadas e o tempo de processamento necessário para alcançar a convergência para cada característica em relação aos modelos utilizados com o uso ou não da covariável "Peso de Abate", encontram-se nas Tabelas 5 e 6.

Tabela 5 - Número de iterações e tempo de processamento de análises univariadas para características de carcaça de suínos. Modelo 1.

| Características <sup>1</sup> | Sem COV |           | Com COV |           |
|------------------------------|---------|-----------|---------|-----------|
|                              | Tempo   | Iterações | Tempo   | Iterações |
| PCF                          | 1'05"   | 37        | 1'43"   | 67        |
| CC                           | 0'57"   | 29        | 1'28"   | 53        |
| E1                           | 1'14"   | 47        | 1'51"   | 74        |
| E2                           | 1'14"   | 48        | 1'51"   | 75        |
| E3                           | 1'15"   | 46        | 1'56"   | 74        |
| EMT                          | 1'21"   | 51        | 2'05"   | 79        |
| P <sub>2</sub>               | 1'09"   | 44        | 1'57"   | 75        |
| PER                          | 1'09"   | 42        | 1'52"   | 72        |
| AOL                          | 0'47"   | 23        | 1'25"   | 49        |
| RC                           | 1'04"   | 35        | 1'38"   | 62        |
| RCG                          | 1'12"   | 37        | 1'10"   | 31        |
| RP                           | 1'02"   | 34        | 1'31"   | 56        |
| PC                           | 0'50"   | 25        | 1'30"   | 50        |
| PCM                          | 0'40"   | 18        | 1'23"   | 48        |
| PG                           | 0'59"   | 32        | 1'28"   | 52        |
| MÉDIA                        | 1'04"   | 36,5      | 1'31"   | 61,1      |

1 - PCF = Peso carc. fria; CC = Comp. carc.; E1 = Esp. touc. 1ª costela; E2 = Esp. touc. última costela; E3 = Esp. touc. última vértebra lombar; EMT = Esp. touc. média; P<sub>2</sub> = Esp. touc. 6,5cm da linha do dorso; PER = Peso pernil conforme MBCC; AOL = Área olho lombo; RC = Rend. carc.; RCG = Rel. carne-gordura; RP = Rend. pernil; PC = Porc. carne; PCM = Porc. de cortes magros; PG = Porc. gordura.

Tabela 6 - Número de iterações e tempo de processamento de análises univariadas para características de carcaça de suínos. Modelo 2.

| Características <sup>1</sup> | Sem COV         |           | Com COV         |           |
|------------------------------|-----------------|-----------|-----------------|-----------|
|                              | Tempo Iterações | Iterações | Tempo Iterações | Iterações |
| PCF                          | 7'53"           | 212       | 3'15"           | 125       |
| CC                           | 1'07"           | 30        | 3'21"           | 124       |
| E1                           | 1'58"           | 80        | 2'37"           | 93        |
| E2                           | 7'23"           | 196       | 9'36"           | 235       |
| E3                           | 2'13"           | 92        | 3'08"           | 118       |
| EMT                          | 1'52"           | 70        | 2'40"           | 96        |
| P <sup>2</sup>               | 2'52"           | 112       | 3'21"           | 128       |
| PFR                          | *               | *         | 3'19"           | 85        |
| AOL                          | 1'27"           | 55        | 2'39"           | 106       |
| RC                           | 2'22"           | 94        | *               | *         |
| RCG                          | 3'27"           | 138       | 3'26"           | 101       |
| RP                           | 2'16"           | 133       | 3'33"           | 127       |
| PC                           | 1'38"           | 65        | 3'09"           | 115       |
| PCM                          | 1'44"           | 68        | 2'34"           | 98        |
| PG                           | 1'45"           | 69        | 3'03"           | 110       |
| MÉDIA                        | 2'51"           | 101       | 3'47"           | 118,6     |

\* Não atingiu convergência.

1 - PCF = Peso carcaça fria; CC = Comp. carcaça; E1 = Espessura de toucinho na 1ª costela; E2 = Esp. touc. na última costela; E3 = Esp. touc. na última vértebra lombar; EMT = Esp. média de touc.; P<sup>2</sup> = Esp. touc. a 6,5 cm da linha do dorso; PFR = Peso do pernil; AOL = Área olho lombo; RC = Rend. carcaça; RCG = Relação carne-gordura; RP = Rend. pernil; PC = Forc. carne; PCM = Forc. de cortes magros; PG = Forc. gordura.

A comparação de modelos diferentes com a inclusão ou não de covariáveis, analisando uma mesma característica no mesmo conjunto de dados, é extremamente importante na escolha do modelo mais "adequado", uma vez que, tal escolha deve-se basear no valor

prático da alteração dos parâmetros estimados, principalmente as estimativas de herdabilidade total, correlações e a fração de variância fenotípica devida a efeitos permanentes de leitegada ( $c^2$ ), quando se vai de um modelo a outro (Ferraz, 1993).

É dever do melhorista, ponderar, até que ponto, a inclusão de novos efeitos ou covariáveis altera uma estimativa, compensando assim, o acréscimo de tempo e recursos computacionais gastos na solução de modelos aparentemente mais completos, mas que no fundo, não trazem maiores benefícios em termos de precisão das estimativas.

#### 4.2 Estimativas de herdabilidade

As estimativas dos componentes de variância tiveram uma variação expressiva em análises univariadas quando estimadas por modelos diferentes, e pela inclusão ou não da covariável "Peso de Abate" nos mesmos. As estimativas dos componentes de variância e covariância foram, também, divergentes em análises bivariadas quando obtidos por dois modelos animais diferentes.

A Tabela 7, apresenta as estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) e da razão entre a variância devida aos efeitos de leitegada e a variância fenotípica ( $c^2$ ), obtidas em análises univariadas para características de carcaça em relação aos modelos 1 e 2 com a covariável "Peso de Abate".

Nas análises bivariadas, obteve-se em média, dez estimativas de herdabilidade para cada característica, sendo que

algumas das vezes esses valores mostraram-se divergentes, tornando necessária a obtenção de uma média e um erro padrão "empírico" da média destas dez estimativas, assim como o intervalo entre os valores extremos. Os intervalos com as estimativas de herdabilidade, suas médias e o erro padrão empírico das mesmas obtidas em análises bivariadas encontram-se na Tabela 8.

Tabela 7 - Valores  $h^2$  e  $c^2$  para características de carcaça de suínos em análise univariada.

| Características <sup>1</sup> | Modelo 1 | Modelo 1 | Modelo 2 |         | Modelo 2 |         |
|------------------------------|----------|----------|----------|---------|----------|---------|
|                              | sem COV  | com COV  | sem COV  | com COV | sem COV  | com COV |
|                              | $h^2$    | $h^2$    | $h^2$    | $c^2$   | $h^2$    | $c^2$   |
| PCF                          | 0,41     | 0,07     | 0,21     | 0,79    | 0        | 0,97    |
| CC                           | 0,28     | 0,13     | 0,42     | 0,36    | 0        | 0,93    |
| E1                           | 0,15     | 0,16     | 0,04     | 0,96    | 0,01     | 0,99    |
| E2                           | 0,13     | 0,14     | 0,03     | 0,97    | 0        | 1       |
| E3                           | 0,27     | 0,29     | 0        | 0,98    | 0        | 1       |
| EMT                          | 0,18     | 0,21     | 0,01     | 0,99    | 0        | 1       |
| P <sub>2</sub>               | 0,33     | 0,35     | 0        | 0,99    | 0        | 1       |
| PER                          | 0,49     | 0,57     | *        | *       | 0        | 1       |
| AOL                          | 0,20     | 0,20     | 0        | 0,09    | 0        | 0,88    |
| RC                           | 0,55     | 0,56     | 0,14     | 0,86    | *        | *       |
| RCG                          | 0,24     | 0,24     | 0,01     | 0       | 0,12     | 0,86    |
| RP                           | 0,77     | 0,82     | 0        | 0,89    | 0        | 0,98    |
| PC                           | 0,63     | 0,56     | 0        | 0,35    | 0        | 0,88    |
| PCM                          | 0,47     | 0,39     | 0        | 0,41    | 0        | 0,89    |
| PG                           | 0,13     | 0,21     | 0        | 0,66    | 0        | 0,93    |

\* Não atingiu convergência.

1 - PCF = Peso carcaça fria; CC = Comp. carcaça; E1 = Espessura de toucinho na 1ª costela; E2 = Esp. touc. na última costela; E3 = Esp. touc. na última vértebra lombar; EMT = Esp. média de touc.; P<sub>2</sub> = Esp. touc. a 6,5 cm da linha do dorso; PER = Peso do pernil conforme MBCC; AOL = Área olho lombo; RC = Rend. carcaça; RCG = Relação carne-gordura; RP = Rend. pernil; PC = Porc. carne; PCM = Porc. de cortes magros; PG = Porc. gordura.

Tabela 8 - Valores de herdabilidade ( $h^2$ ) e de  $c^2$  para características de carcaça de suínos em análises bivariadas.

| Caract. | Modelo 1  |            | Modelo 2  |            | $c^2$     |
|---------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|
|         | $h^2$     |            | $h^2$     |            |           |
| 1       | Intervalo | Média±E.P. | Intervalo | Média±E.P. | Intervalo |
| CC      | 0,43-0,77 | 0,63±0,12  | 0,19-0,35 | 0,30±0,07  | 0,54-0,62 |
| EMT     | 0,49-0,81 | 0,70±0,12  | 0,09-0,26 | 0,13±0,06  | 0,56-0,75 |
| $P_2$   | 0,56-0,57 | 0,56±0,00  | 0,09-0,26 | 0,17±0,07  | 0,56-0,69 |
| PER     | 0,77-0,81 | 0,78±0,02  | 0,11-0,21 | 0,14±0,07  | 0,56-0,74 |
| AOL     | 0,41-0,69 | 0,43±0,24  | 0,12-0,35 | 0,21±0,09  | 0,40-0,66 |
| RC      | 0,56-0,77 | 0,59±0,07  | 0,10-0,28 | 0,19±0,07  | 0,56-0,79 |
| RCG     | 0,31-0,88 | 0,63±0,18  | 0,02-0,56 | 0,25±0,17  | 0,09-0,26 |
| RP      | 0,57-0,81 | 0,71±0,11  | 0,07-0,20 | 0,15±0,04  | 0,57-0,70 |
| PC      | 0,35-0,69 | 0,57±0,12  | 0,12-0,35 | 0,16±0,08  | 0,35-0,67 |
| PCM     | 0,43-0,74 | 0,50±0,21  | 0,10-0,51 | 0,21±0,14  | 0,40-0,72 |
| PG      | 0,55-0,77 | 0,70±0,09  | 0,12-0,32 | 0,23±0,08  | 0,44-0,61 |

1 - CC = Comp. carc.; EMT = Esp. média de touc.;  $P_2$  = Esp. touc. a 6,5 cm da linha do dorso; PER = Peso do pernil conforme MBCC; AOL = Área olho lombo; RC = Rend. carc.; RCG = Relação carne-gordura; RP = Rend. pernil; PC = Porc. carne; PCM = Porc. cortes magros; PG = Porc. gordura.

Como se pode observar, ocorre uma grande redução dos valores das estimativas de herdabilidade nas análises univariadas quando se utiliza o modelo 2 (considera os efeitos permanentes de leitegada), sendo que na maioria dos casos o valor chegou a se reduzir a 0. Esta redução abrupta pode ter acontecido principalmente pela estrutura dos dados disponíveis, onde, 412 indivíduos foram agrupados em 94 leitegadas, algumas das quais, tinham apenas um indivíduo, provocando, provavelmente, a absorção dos efeitos genéticos diretos do animal pelos efeitos permanentes de leitegada. Por outro lado, a não consideração

desses efeitos pode superestimar as estimativas de herdabilidade como relatado por Ferraz (1993), Ferraz e Johnson (1993), Vale (1993) e Eler (1994).

Estimativas obtidas em análises bivariadas, embora apresentem a mesma tendência, nos mostram valores com quedas menos acentuadas, mais coerentes com a bibliografia.

De qualquer forma, os valores estimados para  $c^2$  demonstram que, em todas as características analisadas, os efeitos permanentes de leitegada são de fundamental importância e respondem por uma fração importante da variância fenotípica sendo, em certas ocasiões, superior às próprias variâncias genéticas o que demonstra de forma incontestável, segundo Ferraz (1993), que o melhoramento genético está associado de maneira indissolúvel à parte ambiental e portanto o ambiente a ser proporcionado a animais submetidos a programas de seleção, deve ser o melhor possível nas variáveis controláveis (manejo, nutrição e sanidade), evitando de tal forma que efeitos ambientais mascarem os efeitos genéticos. Este é o caso da adoção de esquemas de desmama precoce em suínos de estações centrais da Dinamarca e Estados Unidos, implantada em escala nacional com o objetivo de diminuir a participação destes componentes na variância fenotípica, aumentando assim a participação dos componentes genéticos aditivos.

Meyer, Carrick e Donnelly (1993), trabalhando com análises univariadas e multivariadas, utilizaram as estimativas de componentes de variância obtidas nas análises univariadas e as

de covariância das análises multivariadas. No entanto, o conjunto de dados por eles utilizado, tinha uma diferença muito grande no número de observações entre variáveis observadas. Em alguns casos, tal diferença foi três vezes maior, o que poderia baixar a precisão nas análises bivariadas para estas características.

Considerando que no presente experimento o número de registros, embora pequeno, continha um número igual de observações para todas as características e, sendo que a acurácia das predições dos valores genéticos é maior em análises multivariadas (Eler, 1994), as estimativas de herdabilidade para cada característica e correlações entre as mesmas, serão discutidas com base no modelo 2 das análises bivariadas. Tal fato se justifica também pela conclusão de Ferraz (1993), segundo o qual os efeitos comuns associados a ninhadas contribuem de forma significativa para a variância fenotípica e sua inclusão nos modelos animais é essencial à estimação adequada de componentes de variância em espécies multíparas. Os valores obtidos nas análises univariadas não serão discutidos, uma vez que não apresentam a devida precisão, tendo em vista, o baixo número de observações e à absorção por parte do efeito permanente de leitegada dos efeitos genéticos individuais como indicado anteriormente.

O sistema de medição de comprimento de carcaça (CC) como é feito no MBCC (ABCS, 1973), difere do proposto pelo Meat and Livestock Commission - MLC, o que dificulta as comparações. A estimativa de herdabilidade para comprimento de carcaça no modelo

1 foi de 0,63 e no modelo 2 de 0,30; embora existam citações com estimativas a partir de 0,02 (Tabela 2), na maioria dos trabalhos consultados os valores foram superiores a 0,53, valores estes que podem ser atribuídos em parte ao método de estimação, já que na maioria dos casos a técnica empregada foi a de quadrados mínimos, que superestimou os valores por não levarem em consideração a taxa de endogamia presente na população estudada.

O fundamento teórico para a superestimação, pode ser melhor compreendida a partir dos componentes de variância do reprodutor e da covariância genética entre meio-irmãos, onde,  $V(\text{Reprodutor}) = \text{COV}(\text{MI})$ ; teoricamente, a  $\text{COV}(\text{MI})$  estima  $1/4$  da variância aditiva, então  $V(\text{Rep.}) = 1/4VA$ , logo,  $VA = 4V(\text{Rep.})$ , como  $h^2 = VA/VP$ , então  $h^2 = 4V(\text{Rep.})/VP$ . Com a presença de endogamia, a covariância entre meio-irmãos aumenta, supondo que de  $1/4$  esta covariância passa para  $1/3$ , então  $V(\text{Rep.}) = 1/3VA$ , logo  $VA = 3V(\text{Rep.})$ , neste caso,  $h^2 = 3V(\text{Rep.})/VP$ , podendo-se concluir que se o efeito de endogamia não for levado em consideração, a herdabilidade estará sendo calculada pela razão entre 4 vezes a variância do macho e a variância fenotípica, quando na realidade deve ser apenas 3 vezes a variância do macho sobre a variância fenotípica.

É comum quando se trabalha com populações finitas, a ocorrência de acasalamentos entre indivíduos aparentados, provocando alterações nas freqüências alélicas que levam a fixação ou perda de alelos (deriva genética). O coeficiente de endogamia,  $F$ , é a medida do grau de parentesco entre os membros

de uma população. Hinkelman (1971) comprovou a superestimação dos valores para  $h^2$  obtidos pelos métodos tradicionais em populações com  $F > 0$  (presença de endogamia).

O coeficiente de endogamia obtido no presente experimento (0,11) é expressivo e, caso não fosse considerado no processo de estimação, levaria à obtenção de valores acima da realidade. A redução encontrada neste trabalho com a inclusão do efeito permanente de leitegada no modelo 2, é um indício de que os modelos animais onde não se consideram tais efeitos, resultam em superestimação dos parâmetros genéticos.

Os resultados indicam que pelas estimativas obtidas no presente trabalho, o CC apresenta maior valor de herdabilidade dentre as variáveis estudadas, o que leva a se esperar um alto progresso genético em processos seletivos que utilizem esta característica como critério de seleção.

Cinco medidas de espessura de toucinho foram estudadas, sendo as mesmas tomadas na primeira costela (E1), na última costela (E2), na última vértebra lombar (E3), a média das três (ETM) e finalmente a espessura de toucinho a 6,5 cm da linha do dorso ( $P_2$ ), utilizado pelo MLC (Cuthbertson, 1968). Esta última como observado por Almeida Neto (1992) trabalhando com regressão pelo método "step-wise", mostrou ser a melhor para predizer a qualidade de carcaça e, embora seus coeficientes parciais de determinação fossem menores que aqueles do rendimento de pernil, esta variável tem a vantagem de poder ser obtida por ultra-som em animais vivos. As estimativas de herdabilidade para ETM e  $P_2$

foram 0,70 e 0,56 respectivamente no modelo 1 e 0,13 e 0,17 no modelo 2, concordando com Scott, Kennedy e Moxley (1984) que obtiveram 0,16 para ETM usando ML. Vários outros autores (Tabela 1) obtiveram valores superiores a 0,28, valores estes, provavelmente superestimados pelo fato de não considerarem o coeficiente de endogamia e os efeitos permanentes de ambiente.

O rendimento de pernil é segundo Almeida Neto (1992), a variável que melhor avalia a porcentagem de carne (PC) e a porcentagem de cortes magros (PCM) da carcaça do suíno. As estimativas de herdabilidade encontradas foram 0,78 para peso e 0,71 para rendimento de pernil no modelo 1. No modelo 2 os valores obtidos para as mesmas variáveis foram de 0,14 e 0,15, encontrando-se dentro do intervalo de variação dos valores citados na literatura de 0,03 a 0,23 com o uso de Máxima Verossimilhança (Tabela 2).

A área de olho de lombo (AOL) avalia de forma adequada a quantidade de lombo da carcaça, sendo encontrada em boa parte dos trabalhos de melhoramento que envolvem características de carcaça. As estimativas de herdabilidade obtidas no presente trabalho (0,43 no modelo 1 e 0,21 no modelo 2) para área de olho de lombo (AOL) encontram-se em discordância com o valor obtido (0,46) por Lo et al. (1992), trabalhando com Máxima Verossimilhança Restrita. Quando comparada com as outras variáveis, a AOL possui um valor de herdabilidade aceitável, podendo obter-se boa resposta em programas de seleção que visem melhorar a proporção de lombo, corte mais nobre do suíno.

O rendimento de carcaça apresentou herdabilidade de 0,59 no modelo 1 e 0,19 no modelo 2, valor menor que os encontrados na literatura (Tabela 3), onde as estimativas são superiores a 0,20, chegando em alguns casos a ultrapassar o limite teórico esperado para herdabilidade, o que comprova o fato de serem superestimadas. Estimativas obtidas por Ducos et al. (1993) utilizando MTDFREML encontram-se entre as menores, por considerarem efeitos de endogamia e efeitos permanentes de leitegada, sendo estes últimos responsáveis por 5 a 16% da variância fenotípica, enquanto que no presente trabalho foram encontradas proporções entre 56 a 79% (Tabela 8).

As estimativas de herdabilidade para a relação carne-gordura (RCG) foram de 0,63 no modelo 1 e 0,25 no modelo 2, estando assim compatíveis com os valores observados na literatura os quais registram uma variação entre 0,14 e 0,75. No entanto, em todos os trabalhos consultados as estimativas foram obtidas pelo método dos quadrados mínimos.

As citações bibliográficas para porcentagem de cortes magros (PCM) além de escassas, são na maioria das vezes divergentes, quanto à metodologia de avaliação dos cortes. No presente trabalho a herdabilidade estimada para esta variável foi de 0,21 no modelo 2 em discordância com Hoffer, Hager e Kunzi (1992), que trabalhando com um modelo que também considerava efeito permanente de leitegada no DFREML em animais vivos testados por ultra-som, obtiveram valores de 0,44 para

herdabilidade e 0,16 para a razão entre os efeitos permanentes de leitegada e a variância fenotípica ( $c^2$ ), na variável que denominaram porcentagem de cortes "premium" (sem gordura). A divergência entre ambas estimativas pode ser consequência do elevado valor obtido para  $c^2$  no presente experimento, 0,40 a 0,72 (Tabela 8), provocando assim uma subestimação dos valores genéticos diretos do animal.

Os coeficientes de herdabilidade encontrados para porcentagem de carne (PC) e porcentagem de gordura (PG), foram de 0,57 e 0,70 respectivamente no modelo 1 e 0,16 e 0,23 no modelo 2. A escassez de citações, junto à falta de informação sobre os critérios de medição empregados para estas variáveis, dificultam as comparações. Pode-se também observar que a porcentagem de gordura encontra-se entre as características que possuem maiores valores de herdabilidade, em consequência responde satisfatoriamente a processos de seleção.

A partir dos resultados obtidos no presente experimento, é possível observar que houve subestimação das estimativas, provocadas pela estrutura do conjunto de dados, pois embora o número de observações (412) fosse também reduzido, Wang, Yandell e Rutledge (1991), concluíram que uma acurácia de 0,90 pode ser obtida com um conjunto de dados com apenas 500 registros. Por outro lado, valores de herdabilidade muito altos encontrados na literatura para características de carcaça, podem ter sofrido superestimação ao não considerarem a ocorrência de endogamia quase sempre presente em populações fechadas, e os

efeitos comuns de leitegada (incluindo efeitos devidos a habilidade materna, tratador e o fato muito comum em suínos de as leitegadas permanecerem juntas após a desmama tanto nas gaiolas da creche como nas baias até o abate) que em características de carcaça são responsáveis por uma fração importante da variância fenotípica.

#### 4.3 Correlações

Grande parte dos trabalhos consultados apresentam correlações de características de carcaça com ganho de peso médio diário, conversão alimentar e idade ao final do teste. Correlações entre características de carcaça são escassas na literatura consultada, limitando-se no geral a correlações de espessura de toucinho, área de olho de lombo e porcentagens de carne. Em tais circunstâncias tem-se uma certa dificuldade em se fazer maiores comparações entre as mesmas.

Os valores obtidos para os coeficientes de correlação são apresentados nas Tabelas 9, 10 e 11.

Tabela 9 - Estimativas obtidas pelo modelo 1, de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre características de carcaça de suínos da raça Large White.

| Característ. <sup>1</sup> | (01)  | (02)  | (03)  | (04)  | (05)  | (06)  | (07)  | (08)  | (09)  | (10)  | (11)  |
|---------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| CC (01)                   |       | *     | *     | 0,90  | *     | -0,95 | 0,33  | 0,33  | 0,33  | -0,33 | *     |
| EMT (02)                  | *     |       | 0,35  | -0,55 | -0,33 | 1,00  | -0,32 | -0,24 | -0,24 | -0,35 | -0,33 |
| P <sub>2</sub> (03)       | *     | 0,55  |       | -0,37 | -0,33 | *     | -0,95 | -0,37 | -0,37 | 0,33  | -0,34 |
| AOL (04)                  | 0,93  | -0,78 | -0,63 |       | 0,24  | *     | 0,35  | 1,00  | 0,99  | -0,28 | 0,37  |
| RP (05)                   | *     | -0,53 | -0,52 | 0,42  |       | -0,60 | 0,40  | 0,24  | 0,24  | -0,90 | 0,33  |
| RCG (06)                  | -0,51 | 0,81  | *     | *     | -0,79 |       | -0,71 | *     | -0,27 | 0,90  | *     |
| PER (07)                  | 0,53  | -0,52 | -0,52 | 0,51  | 0,56  | -0,18 |       | 0,24  | 0,24  | 0,31  | 0,33  |
| PC (08)                   | 0,52  | -0,41 | -0,63 | 0,95  | 0,42  | *     | 0,42  |       | 1,00  | -0,34 | 0,37  |
| PCM (09)                  | 0,52  | -0,42 | -0,64 | 0,92  | 0,42  | -0,55 | 0,42  | 0,98  |       | -0,34 | *     |
| PG (10)                   | -0,51 | 0,54  | 0,55  | 0,53  | -0,49 | 0,65  | -0,48 | -0,52 | -0,52 |       | -0,32 |
| RC (11)                   | *     | -0,52 | -0,52 | 0,63  | 0,55  | *     | 0,52  | 0,63  | *     | -0,53 |       |

\* Não atingiu convergência

1 - CC = Comp. carc.; EMT = Esp. média de touc.; P<sub>2</sub> = Esp. touc. a 6,5 cm da linha do dorso; PER = Peso do pernil conforme MBCC; AOL = Área olho lombo; RC = Rend. carc.; RCG = Relação carne-gordura; RP = Rend. pernil; PC = Porc. carne; PCM = Porc. cortes magros; PG = Porc. gordura.

Tabela 10 - Estimativas obtidas pelo modelo 2, de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre características de carcaça de suínos da raça Large White.

| Característ. <sup>1</sup> | (01)  | (02)  | (03)  | (04)  | (05)  | (06)  | (07)  | (08)  | (09)  | (10)  | (11)  |
|---------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| CC (01)                   |       | *     | *     | 0,28  | 0,90  | -0,32 | 0,91  | 0,25  | 0,25  | -0,26 | *     |
| EMT (02)                  | *     |       | 1,00  | -0,90 | -0,95 | 0,94  | -0,96 | -0,86 | *     | 0,26  | -0,90 |
| P <sub>2</sub> (03)       | *     | 0,43  |       | -0,88 | -0,99 | *     | -1,00 | -0,87 | -0,98 | 0,37  | -0,98 |
| AOL (04)                  | 0,12  | -0,61 | -0,63 |       | 0,21  | -0,97 | 0,20  | 1,00  | 0,63  | -0,25 | 0,90  |
| RP (05)                   | 0,35  | -0,42 | -0,40 | 0,12  |       | -0,87 | 1,00  | 0,88  | 0,92  | -0,41 | 0,95  |
| RCG (06)                  | -0,18 | 0,20  | *     | -0,06 | -0,51 |       | -0,90 | -1,00 | -0,98 | 0,20  | -0,47 |
| PER (07)                  | 0,38  | -0,48 | -0,50 | 0,13  | 0,43  | -0,58 |       | 1,00  | 1,00  | -0,40 | *     |
| PC (08)                   | 0,33  | -0,49 | -0,51 | 0,61  | 0,55  | -0,07 | 0,60  |       | 1,00  | -0,67 | *     |
| PCM (09)                  | 0,33  | -0,47 | -0,50 | 0,78  | 0,42  | -0,26 | 0,57  | 0,29  |       | -0,64 | 0,40  |
| PG (10)                   | -0,20 | 0,40  | 0,40  | -0,33 | -0,32 | 0,26  | -0,17 | -0,37 | -0,39 |       | -0,37 |
| RC (11)                   | *     | -0,41 | -0,40 | 0,06  | 0,51  | -0,41 | *     | *     | 0,25  | -0,40 |       |

\* Não atingiu convergência

1 - CC = Comp. carc.; EMT = Esp. média de touc.; P<sub>2</sub> = Esp. touc. a 6,5 cm da linha do dorso; PER = Peso do pernil conforme MBCC; AOL = Área olho lombo; RC = Rend. carc.; RCG = Relação carne-gordura; RP = Rend. pernil; PC = Porc. carne; PCM = Porc. cortes magros; PG = Porc. gordura.

Tabela 11 - Estimativas obtidas pelo modelo 2, de correlações de  $c^2$  (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre características de carcaça de suínos da raça Large White.

| Característ. <sup>1</sup> | (01)  | (02)  | (03)  | (04)  | (05)  | (06)  | (07)  | (08)  | (09)  | (10)  | (11)  |
|---------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| CC (01)                   |       | *     | *     | 0,63  | 0,00  | -0,55 | 0,29  | 0,15  | 0,15  | -0,30 | *     |
| EMT (02)                  | *     |       | 0,14  | -0,20 | -0,14 | 0,44  | -0,16 | -0,12 | *     | 0,14  | -0,12 |
| P <sub>2</sub> (03)       | *     | 0,43  |       | -0,26 | -0,19 | *     | -0,21 | -0,16 | -0,13 | 0,14  | -0,14 |
| AOL (04)                  | 0,12  | -0,61 | -0,63 |       | 0,16  | 0,10  | 0,19  | 0,38  | 0,99  | -0,15 | 0,98  |
| RP (05)                   | 0,35  | -0,42 | -0,40 | 0,12  |       | -0,18 | 0,14  | 0,17  | 0,14  | -0,08 | 0,27  |
| RCG (06)                  | -0,18 | 0,20  | *     | -0,06 | -0,51 |       | -0,22 | -0,92 | -0,36 | 0,12  | -0,26 |
| PER (07)                  | 0,38  | -0,48 | -0,50 | 0,13  | 0,43  | -0,58 |       | 0,16  | 0,01  | -0,04 | *     |
| PC (08)                   | 0,33  | -0,49 | -0,51 | 0,61  | 0,55  | -0,07 | 0,60  |       | 0,17  | -0,15 | *     |
| PCM (09)                  | 0,33  | -0,47 | -0,50 | 0,78  | 0,42  | -0,26 | 0,57  | 0,29  |       | -0,07 | 0,23  |
| PG (10)                   | -0,20 | 0,40  | 0,40  | -0,33 | -0,32 | 0,26  | -0,17 | -0,37 | -0,39 |       | -0,14 |
| RC (11)                   | *     | -0,41 | -0,40 | 0,06  | 0,51  | -0,41 | *     | *     | 0,25  | -0,40 |       |

\* Não atingiu convergência

1 - CC = Comp. carc.; EMT = Esp. média de touc.; P<sub>2</sub> = Esp. touc. a 6,5 cm da linha do dorso; PER = Peso do pernil conforme MBCC; AOL = Área olho lombo; RC = Rend. carc.; RCG = Relação carne-gordura; RP = Rend. pernil; PC = Porc. carne; PCM = Porc. cortes magros; PG = Porc. gordura.

Os coeficientes de correlação genética de comprimento de carcaça foram elevados apenas para rendimento de pernil (RP) e peso de pernil do MBCC (PER) (Tabela 10). Catalan (1986) observou que RP tem bom relacionamento com a maioria das características. Os valores obtidos mostram que, tanto PER como RP têm elevada correlação genética com a maioria das características, sendo PER a variável que maior correlação genética apresentou com as duas principais variáveis de qualidade de carcaça (porcentagem de carne e porcentagem de cortes magros).

As correlações genéticas de espessura média de toucinho (ETM) e espessura de toucinho a 6,5 cm do dorso ( $P_2$ ) com as porcentagens de carne e cortes magros, rendimento de pernil e cortes cárneos em geral (PER e AOL), são elevadas embora possuam direção contrária (negativa). Valores significativos obtidos por correlação simples foram relatados por Oliveira (1988) para  $P_2$  com todas as características de carcaça. Catalan (1986) e Lo et al. (1992), observaram uma correlação genética com similar direção e magnitude trabalhando com rendimento de pernil + carré e área de olho de lombo respectivamente em relação à espessura de toucinho. Bereskin (1987), observou alta correlação genética negativa entre ETM e AOL (-0,88) e ETM e PCM (-0,97). Esta correlação pode ser explicada pela existência de um componente genético que impõe uma maior síntese em alguns indivíduos de certas enzimas associadas à lipogênese em

detrimento do desenvolvimento muscular (glucosa 6-p desidrogenase, 6-p gluconato desidrogenase, enzima málico e Acetil CoA carboxilase) como constatado por Pond e Houpt (1978) numa revisão de diversos trabalhos. Como foi observado, o sexo, a idade e o ambiente são fatores que interferem na síntese de tais enzimas, tendo Steele, Frobish e Keeney (1974) encontrado que o aumento do tecido adiposo em suínos jovens é devido a hiperplasia celular e a deposição tardia de gordura se deve a hipertrofia celular, desde que o número de adipocitos tende a atingir um "plateau" entre os 5 e 6 meses de idade.

A área de olho de lombo (AOL), apresentou-se positiva e altamente correlacionada com a porcentagem de carne (PC) e rendimento de carcaça (RC), ao mesmo tempo teve uma elevada correlação negativa com RCG (Tabela 10). Estes resultados coincidem com os obtidos por Smith e Pearson (1986) e McLaren, Buchanan e Johnson (1987), demonstrando assim que a AOL é um bom indicador da quantidade de carne presente no animal.

As correlações genéticas de RCG foram elevadas e negativas com as características desejáveis da carcaça (PC, PCM e RP) e com os principais cortes cárneos, sendo uma medida importante da qualidade de carcaça, mostrando assim que um programa de seleção com o objetivo de diminuir a mesma, levaria à obtenção de carcaças de maior qualidade. Esta característica apresentou também grande correlação positiva com ETM.

A porcentagem de carne (PC) como era de se esperar, correlacionou-se alta e positivamente com a porcentagem de cortes

magros (PCM). A porcentagem de gordura não mostrou grande correlação com as outras características, sendo negativa e mediana com PC e PCM.

O rendimento de carcaça teve uma correlação genética positiva importante com AOL e RP, e altamente negativa com ETM e  $P_2$ .

As correlações fenotípicas, seguem a mesma tendência em direção que as correlações genéticas, tendo no entanto, seus valores reduzidos devido à participação dos efeitos permanentes de leitegada (Tabela 11). Pode-se observar no modelo 1, o qual não considera tais efeitos (Tabela 9) que as correlações fenotípicas possuem na maioria das ocasiões maior magnitude que as genéticas, o que faz supor que o efeito ambiental associado à leitegada no presente experimento foi muito grande. Tal fato está de acordo com Ferraz (1993), que concluiu que efeitos permanentes de ambiente associados à ninhadas no caso de características de crescimento e abate contribuem de forma significativa para a variância fenotípica.

## 5 CONCLUSÕES

Nas condições do presente trabalho, concluiu-se que:

- A estrutura do conjuntos de dados é mais importante que o número de observações quando se trabalha com número de registros limitado.
- A inclusão dos efeitos comuns de ambiente associados à leitegada nos modelos animais é fundamental na estimação de parâmetros genéticos confiáveis, por sua expressiva contribuição para a variância fenotípica.
- O fato de se considerar o efeito da endogamia e efeitos permanentes de ambiente, reduz os valores de parâmetros genéticos normalmente superestimados nos métodos tradicionais.
- A alta herdabilidade observada nas variáveis de comprimento de carcaça, relação carne-gordura, porcentagem de gordura, porcentagem de cortes magros e área de olho de lombo, sugere progresso genético em processos seletivos que utilizem tais variáveis como critério de seleção.
- A seleção para peso de pernil, resultaria na obtenção de carcaças de melhor qualidade, considerando as altas correlações entre peso de pernil e porcentagem de carne e cortes magros.

- Processos seletivos que considerem as variáveis relação carne-gordura e  $P_2$ , levariam à obtenção de carcaças de melhor qualidade, tendo em vista as elevadas correlações negativas de ambas com peso e rendimento de pernil, porcentagem de cortes magros e rendimento de carcaça.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBÉRIO, A.C.; OLIVEIRA, A.I.G. de; BARBOSA A.S.; OLIVEIRA, B.L. de; SOARES, M.C. Níveis de energia, raça e sexo sobre o desempenho e carcaça de suínos. *Ciência e Prática*, Lavras, v.7, n.1, p.86-95, jan./jun. 1983.
- ALMEIDA NETO, P.P. **Parâmetros Genéticos e Fenotípicos de Características de Carcaça de Suínos**. Lavras: ESAL, 1992. 71p. (Dissertação - Mestrado em Zootecnia).
- ALVES, R.G. de O. **Análise Econômica e Genética das Características de Desempenho e de Carcaça de Suínos Landrace e Duroc**. Viçosa: UFV., 1977. 62p. (Tese M.S.).
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE SUÍNOS. **Método Brasileiro de Classificação de Carcaça**. Estrela, R.S.: ABCS, 1973. 17p.
- BERESKIN, B. Genetic and phenotypic parameters for pig growth and body composition estimated by intraclass correlation and parent-offspring regression. *Journal of Animal Science*, Champaign, v.64, n.6, p.1619-1629, June 1987.
- BERRY, B.W.; SMITH, G.C.; HILLERS, J.K.; KROENING, J.H. Effects of chronological age on live and carcass characteristics of Yorkshire swine. *Journal of Animal Science*, Champaign, v.31, n.5, p.856-860, Nov. 1970.
- BOLDMAN, K.G.; VAN VLECK, L.D. Derivative-free Restricted maximum Likelihood estimation in animal models with a sparse matrix solver. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.74, n.12, p.4337-4343, Dec. 1991.
- BOLDMAN, K.G.; VAN VLECK, L.D.; KRIESE, S.; KACHMAN, S.; **MTDFREML Users guide** USDA/ARS Claycenter, Nebraska, 1993.

- BRUNER W.H.; SWIGER L.A. Effects of sex, season and breed on live and carcass traits at the Ohio swine evaluation station. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.27, n.2, p.383-388, Mar./Apr. 1968.
- BRYNER, S.M.; MABRY, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L.; KRIESE, L.A. A estimation of direct and maternal heritability and genetic correlation for backfat and growth rate in swine using data from centrally tested Yorkshire boars. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, n.6, (p.1775-1789), june 1992.
- CASTRO NETO, P.; SEDIYAMA, G.C.; VILELA, E.A. de. Probabilidade de ocorrência de períodos secos em Lavras, Minas Gerais. **Ciência e Prática**, Lavras, v.4, n.1, p.55-65, jan./jun. 1980.
- CATALAN, G. **Estimativa de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos em Suínos Landrace, Large White e Duroc, nas Fases de Crescimento e Terminação**. Viçosa: UFV, 1986. 129p. (Tese - Mestrado em Zootecnia).
- CHRISTIAN, L.L.; STROCK, K.L.; CARLSON, J.P. Effects of protein, breed cross, sex and slaughter weight on swinw performance and carcass traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.51, n.1, p.383-388, July 1980.
- COSTA, C.N.; SARALEGUI, H.W.; FÁVERO, J.A.; LEITÃO, G.R. Parâmetros genéticos e índices de seleção para suínos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.15, n.2, p.124-131, abr. 1986.
- CRUZ-BUSTILLO, D.; DIÉGUEZ, F.J.; GONZÁLES, A.M. Composición de la canal de cerdos machos castrados y hembras cebadas en condiciones comerciales y sacrificados entre 60 y 110 Kg de peso vivo. **Ciencia y Técnica en la Agricultura, Ganado porcino**, La Habana, v.10, n.1, p.71-87, ene./mar. 1987.
- CRUZ-BUSTILLO, D.; CERVANTES, A.; DIÉGUEZ, F.J.; SÁNCHEZ, A.; BARRETO, B. Comportamiento y composición de la canal de cerdos machos enteros, castrados y hembras sacrificados a 214 o 252 días de edad. **Ciencia y Técnica en la Agricultura, Ganado porcino**, La Habana, v.10, n.4, p.37-55, oct./dic. 1987.
- CUTHBERTSON, A. PIDA. Dissection Techniques. In: \_\_\_\_\_ **Symposium on methods of carcass evaluation**. Dublin: European Association for Animal Production, 1968. 8p.
- DUCOS, A.; BIDANEL, J.P.; DUCROCQ, V.; BOICHARD, D.; GROENEVELD, E.; Multivariate restricted maximum likelihood estimation on genetic parameter for growth, carcass and meat quality trait in French Large White and French Landrace pig. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.25, n.5, p.475-493, 1993.

- ELER, J.P. **Utilização de modelos animais univariado e multivariado na avaliação genética de bovinos da raça Nelore.** Pirassununga: USP, 1994. 112p. (Tese para título de Professor Livre Docente).
- ELLIS, M.; SMITH, W.C.; CLARCK, J.B.K.; INNES, N.A. A comparison of boars, gilts and castrates for bacon manufacture. **Animal Production**, Edinburgh, v.37, n.1, p.1-9, Jan. 1983.
- FERRAZ, J.B.S. **Aplicação de modelos animais na avaliação de parâmetros populacionais de características reprodutivas e produtivas de coelhos das raças California e Nova Zelândia Branca.** Pirassununga: USP, 1993. 123p. (Tese para título de Professor Livre Docente).
- FERRAZ, J.B.S. Guia prático para análise de dados segundo modelo animal em DFREML com matrizes esparsas. I. Análises univariadas. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.15, n.1, p.209-233, mar. 1992.
- FERRAZ, J.B.S.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter sizes and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace Swine. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.71, n.4, p.850-858, Apr. 1993.
- FIALHO, E.T.; FERREIRA, A.S.; FREITAS A.R. de; ALBINO, L.F.T. Balanço energético e protéico de rações para suínos machos inteiros e castrados, de diferentes raças e pesos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.11, n.3, p.405-419, mai./jun. 1982.
- FOULLEY, J.L. A simple argument showing how to derive Restricted Maximum Likelihood. **Journal Dairy Science**, Champaign, v.76, n.8, p.2320-2324, Aug. 1993.
- GEORGE, A.; LIU, J.; NG, E. **User guide for SPARSPAK: Waterloo sparse linear equation package.** CS-78-30. Ontario Department Computer Science, University of Waterloo, 1980.
- GERI, G.; FRANCI, O.; POLI, B.M.; CAMPODONI, G.; ZAPPA, A. Relationships between adipose tissue characteristics of newborn pigs and subsequent performance: II Carcass traits at 95 and 145 kilograms live weight. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.68, n.7, p.1929-1935, July 1991.
- GRANDI, A. Caratteristiche della carcassa e della carne del suino pesante di razza Large White. **Rivista de Suinicoltura**, Perugia, v.33, n.5, p.61-64, mai. 1992.

- GRASSER, H.U.; SMITH, S.P.; TIER, B. A derivative free approach for estimating variance components in animal models by Restricted Maximum Likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.64, n.5, p.1362-1370, May 1987.
- HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, London, v.54, n.1, p.93-108, June 1967.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Raleigh, v.9, n.1, p.226-256, 1953.
- HENDERSON, C.R. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.71, p.1-16, 1988 /supplement 2/.
- HINKELMAN, K. Estimation of heritability from experiments with inbred and related individuals. **Biometrics**, Raleigh, v.27, n.1, p.183-190, Mar. 1971.
- HOFER, A.; HAGGER, C.; KUNZI, N. Genetic evaluation of on-farm tested pigs using an animal model. I. Estimation of variance components with restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.30, n.1, p.69-82, Jan. 1992.
- JOGI, S.; JOHAR, K.S. Genetic study of dressing percentage of common indian pigs. **Indian Journal of Animal Research**, Karnal, v.26, n.2, p.100-102, Feb. 1992.
- JUDGE, M.D.; MILLS, E.W.; ORCUTT, M.W.; FORREST, J.C.; DIECKMAN, M.A.; HARMON, B.G.; LIN, R.S.; NICHOLLS, L.L. Utilization on boar meat: Composition quality and odor incidence in relation to androstenone and skatole. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.68, n.4, p.1030-1033, Apr. 1990.
- KAPLON, M.J.; ROTHSCHILD, M.F.; BERGER, P.J.; HEALEY, M. Population parameter estimates for performance and reproductive traits in Polish Large White nucleus herds. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.69, n.1, p.91-98, Jan. 1991.
- KEELE, J. W.; LONG, T. E.; JOHNSON, R. K. Comparison of methods of estimating variance components in pigs. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.69, n.4, p.1428-1434, Abr. 1991.
- KUMAR, A.; BARSAUL, C.S. Determination of best sex and economic slaughter weight with standard ration in Large White-Yorkshire pigs. **Indian Veterinary Journal**, Madras, v.64, n.11, p.935-939, Nov. 1987

- LANGLOIS, A.; MINVIELLE F. Comparisons of three way and backcross swine: I Growth performance and commercial assesment of the carcass. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.67, n.8, p.2018-2024, Aug. 1989.
- LO, L.L.; McLAREN, D.G.; McFEITH, F.K.; FERNANDO, R.L.; NOVAKOSTKI, J. Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II Heritabilities and correlations. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, n.8, p.2387-2396, Aug. 1992.
- McLAREN, D.G.; BUCHANAN, D.S.; JOHNSON, R.K. Individual heterosis and breed effects for postweaning performance and carcass traits in four breed of swine. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.64 , n.1, p.83-98, Jan. 1987.
- MEYER, K. DFREML-a serie of programs to estimate variance components under an individual model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.33, p.31, 1988. (Suppl. 2).
- MEYER, K.; CARRICK, M.J.; DONNELLY, B.J.P. Genetic parameters for growth traits of australian beef cattle from multibreed selection experiment. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.71, n.10, p.2614-2622, Oct. 1993.
- MISHRA, R.R.; SHARMA, G.C. Carcass charasteristics of Large White Yorkshire barrows. **Indian Journal of Animal Research**, Karnal, v.25, n.1, p.10-14, Jan. 1991.
- MISTZAL, I.; PEREZ-ENCISO, M. Spase matrix inversion for Restricted Maximum Likelihood estimation of variance components by Expectation-Maximization. **Journal Dairy Science**, Champaign, v.76, n.5, p.1479-1483, May 1993.
- MURRAY, R.K.; GRANNE, D.K.; MAYES, P.A.; RODWELL, V.W. **Bioquímica de Harper**. 12.ed. México: El Manual Moderno, 1992. 740 p.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL - NRC. **Nutriens requirement of swine**. 9.ed. Washington: National Academy Press, 1988. 83p.
- NUNES, J.R.V.; LÓPEZ, J.; NICOLAIEWSKY, S. Desempenho e características de carcaça de machos inteiros e castrados sob dietas com dois níveis de proteína. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.9, n.1, p.1-9, 1980.
- OMETTO, J.C. **Bioclimatologia vegetal**. São Paulo:CERES, 1981. 425p.

- OLIVEIRA, A.I.G. **Aspectos genéticos das Características Físicas das Carcaças de Suínos em Cruzamentos Dialélicos.** Viçosa: UFV, 97p. 1988. (Tese - Doutorado em Zootecnia).
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unuqual. **Biometrika**, London, v.58, n.3, p.545-554, Sept. 1971.
- POND, W.G.; HOUPPT, K.A. **The biology of the pig.** New York: Cornell University Press, 1978. 371 p.
- QUAAS, R. L.; POLLAK, E.J. mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.51, n.6, p.1277-87, Dec. 1980.
- RAHNEFELD, G.W.; CLIPLEF, R.L.; GARNET, I. Mass selection for post-weaning growth in swine. VI Means, heritabilities, genetic and phenotypic correlations, and correlated response of carcass traits. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v.63, n.1, p.49-58, Mar. 1983.
- SATHER, A.P.; JONES, S.D.M. JOYAL, S. Feedlot performance, carcass composition and pork quality from entire male and female Landrace and Large White market weight pigs. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v.71, n.1, p.29-42, Mar. 1991.
- SCHNEIDER, J.F.; CHRISTIAN, L.L.; KUHLLERS, D.L. Crossbreeding in swine: genetic effects on pig growth and carcass merit. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.54, n.4, p.747-756, Apr. 1982.
- SCOTT, C.; KENNEDY B.W.; MOXLEY, J.E. Heritabilities and breed composition effects on backfat depth and retail cut distribution in swine. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v.64, n.3, p.587-596, Sept. 1984.
- SEARLE, S.R. **Linear models for unbalanced data.** New York: John Wiley & Sons, 1987. 536p.
- SILVA, R.G. da. **Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162 p.
- SINGH, K.P.; MISHRA, R.R. Factors influencing carcass trits of Landrace pigs. **Indian Journal of Animal Research**, Karnal, v.26, n.1, p. 29-32, Jan. 1992.

- SMITH, S.P.; GRASER, H.U. 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.
- SMITH, W.C.; PEARSON, G. Comparative voluntary feed intakes, growth performance, carcass compositions and meat quality of Large White, Landrace and Duroc pigs. **New Zealand Journal of Experimental Agriculture**, Palmerston North, v.14, n.1, p.43-50, Jan. 1986.
- SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.59, n.5, p.1213-1223, Nov. 1984.
- STAHLY, T.S.; CROMWELL, G.L. Effect of environmental temperature and dietary fat supplementation on the performance and the carcass characteristics of growing and finishing swine. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.49, n.6, p.1478-1488, Dec. 1979.
- STEELE, N.C.; FROBISH, L.T.; KEENEY, M. Lipogenesis and cellularity of adipose tissue from genetically lean and obese swine. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.39, n.4, p.712-719, Apr. 1974.
- VAN VLECK, L.D.; BOLDMAN, K.G. Sequential transformation for multiple traits for estimation of (co)variance components with Derivative Free algorithm for Restricted Maximum Likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.71, n.4, p.832-849, Apr. 1993.
- VALE, R.A. **Aplicação de modelos animais na estimativa de heritabilidade em características de leitões da raça Piau**. Lavras: ESAL, 1993. 40p. (Dissertação - Mestrado em Zootecnia).
- VILELA, E.A.; RAMALHO, M.A.P. Análise das temperaturas e precipitação pluviométrica de Lavras, Minas Gerais. **Ciência e Prática**, Lavras, v.4, n.1, p.46-55, jan./jun. 1980.
- WANG, C.S.; YANDELL, B.S. RUTLEDGE, J.J. Bias of maximum likelihood estimator of intraclass correlation. **Theoretical and Applied Genetics**, Ney York, v.82, p.421-424, 1991.