

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS

SIRLENE FERNANDES LÁZARO

AVALIAÇÃO GENÉTICA DO TAMANHO DE LEITEGADA EM SUÍNOS
DAS RAÇAS LANDRACE E LARGE WHITE UTILIZANDO MODELOS
DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

BELO HORIZONTE - MG

2013

Sirlene Fernandes Lázaro

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO TAMANHO DE LEITEGADA EM
SUÍNOS DAS RAÇAS LANDRACE E LARGE WHITE UTILIZANDO
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para Obtenção do grau de Mestre em Zootecnia

Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal

Orientador: Prof. Martinho de Almeida e Silva

2013

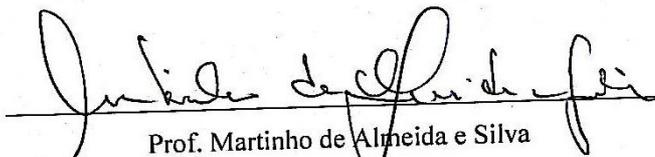
L431a Lázaro, Sirlene Fernandes, 1986-
Avaliação genética do tamanho de leitegada em suínos das raças Landrace e Large White utilizando modelos de regressão aleatória / Sirlene Fernandes Lázaro. – 2013.
59 p. : il.

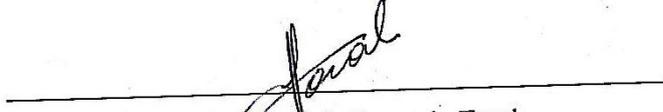
Orientador: Martinho de Almeida e Silva
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária.
Inclui bibliografia

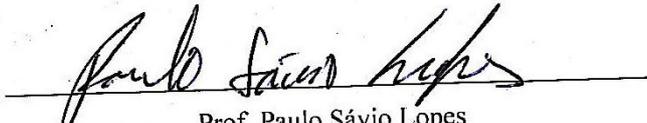
1. Suíno – Melhoramento genético – Teses. 2. Suíno – Genética – Teses.
3. Hereditariedade – Teses. I. Silva, Martinho de Almeida e. II. Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária. III. Título.

CDD – 636.408 2

DISSERTAÇÃO defendida e aprovada em 28/02/2013 pela Comissão Examinadora composta pelos seguintes membros:


Prof. Martinho de Almeida e Silva
(Orientador)


Prof. Fábio Luiz Buranelo Toral


Prof. Paulo Sávio Lopes

Amor é fogo que arde sem se ver,
é ferida que dói, e não se sente;
é um contentamento descontente,
é dor que desatina sem doer.

É um não querer mais que bem querer;
é um andar solitário entre a gente;
é nunca contentar-se de contente;
é um cuidar que ganha em se perder.

É querer estar preso por vontade;
é servir a quem vence o vencedor;
é ter com quem nos mata, lealdade.

Mas como causar pode seu favor
nos corações humanos amizade,
se tão contrário a si é o mesmo Amor?

(Luis Vaz de Camões)

DEDICATÓRIA

*À minha mãe, Maria da Consolação, pelo amor incondicional e exemplo de vida,
que sempre acreditou em mim e possibilitou chegar até aqui.*

A todos meus amigos.

Com carinho,

DEDICO

AGRADECIMENTO

A Deus, pelas minhas vitórias e pela fé que me dá força para superar todos os obstáculos que surgem ao longo da minha vida.

À minha mãe, Maria da Consolação, pelo exemplo de vida, dedicação, compreensão e carinho recebido, e que em certa época da vida me ensinou o sentido literal da palavra lutar, e me ensina diariamente o sentido real da palavra amar.

Ao meu amigo e namorado, João Augusto, pela amizade, confiança, momentos de alegrias e por estar do meu lado.

Ao Prof. Martinho pela orientação muito além do acadêmico.

Aos professores, Fábio Luiz Buranelo Toral e Idalmo Garcia Pereira, pelo apoio e amizade.

À Vivian Paula Silva Felipe, pela imensa ajuda nas análises e paciência na resolução de problemas e dúvidas.

À Mariana Anrain, por possibilitar a realização desta.

Aos professores e amigos de Montes Claros, Ernane Ronie Martins e Joana Ribeiro da Glória, mesmo distantes sempre estiveram ao meu lado.

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia e a todos os professores que o compõem, pelos valiosos ensinamentos.

Aos que se mostraram muito mais que simples companheiros de pesquisa ou de trabalho, aos amigos que jamais esquecerei e que conquistei durante a realização deste mestrado: Daiane Becker, Helena Teotônio, Dalinne Chrystian, Fabiana Ferreira, Juan Salvador, Flaviana Miranda, Tiago Passafaro, Fernanda Silva, Livia Loiola, Rodrigo Mezêncio, Ana Paula Liboreiro, Muller Marques.

Às minhas amigas, Danielle Abreu, Anna Rosa Chagas, Leydiana Duarte, Larissa Mota, por sempre estarem presentes.

A todos os essenciais funcionários da UFMG, que tornaram tudo mais possível.

À CAPES pela bolsa concedida.

Enfim, a todos que, mesmo não citados, foram importantes pela passagem nessa importante etapa da minha vida. Que Deus os abençoe, esteja sempre ao lado de cada um, proporcionando, a todos, momentos de alegrias.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. REVISÃO DE LITERATURA	12
2.1. Produção de Suínos	12
2.1.1. Tamanho de leitegada	13
2.2. Modelo de regressão aleatória	14
3. MATERIAL E MÉTODOS	18
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
4.1. Animais Landrace	25
4.2. Animais Large White	32
5. CONCLUSÕES	40
6. REFERÊNCIAS	41
7. APÊNDICE	48

Lista de tabelas

Tabela 1 – Número de observações, animais Landrace.....	19
Tabela 2 – Número de observações, animais Large White	20
Tabela 3 – Identificação dos modelos com diferentes classes de variância residual	24
Tabela 4 – Número de parâmetros, animais Landrace.....	25
Tabela 5 – Estimativas entre os coeficientes de regressão em Landrace	27
Tabela 6 – Estimativas de variâncias e herdabilidades para Landrace.....	28
Tabela 7 – Estimativas de correlações em Landrace.....	30
Tabela 8 – Número de parâmetros, animais Large White	33
Tabela 9 – Estimativas entre os coeficientes de regressão em Large White	34
Tabela 10 – Estimativas de variâncias e herdabilidades para Large White.....	35
Tabela 11 – Estimativas de correlações em Large White.....	37

Lista de figuras

Figura 1 – Trajetória dos valores genéticos em Landrace32

Figura 2 – Trajetória dos valores genéticos em Large White38

RESUMO

Objetivou-se com este estudo estimar parâmetros genéticos para o número total de leitões nascidos (NTLN), número de leitões nascidos vivos (NLNV) e número de leitões vivos aos cinco dias de idade (NLV5) com modelos de regressão aleatória e identificar a melhor alternativa para modelagem da variância residual para avaliação das trajetórias genéticas do tamanho da leitegada de fêmeas Landrace e Large White. Os dados utilizados foram provenientes de uma granja de melhoramento genético de suínos e continha 2388 observações de fêmeas Landrace e 2325 de Large White. Para a raça Landrace, o efeito materno não foi significativo e os modelos de melhor ajuste para o NTLN e NLV5 foram os que consideraram a variância residual homogênea e para NLNV, o modelo com quatro classes de variâncias residuais foi o mais adequado. O modelo que incluiu o efeito materno e quatro classes de variância residual foi o que apresentou melhor ajuste para NTLN na raça Large White, sendo os modelos sem efeito materno e com variância residual homogênea os mais adequados para NLNV e NLV5. Os coeficientes de regressão aleatória do intercepto (b_0) e linear (b_1) apresentaram correlação positiva em todas as análises, porém em Large White a magnitude dos valores de correlação foi maior (0,90; 0,81 e 0,79 para NTLN, NLNV e NLV5, respectivamente). As herdabilidades estimadas variaram de baixas a altas (0,08-0,34; 0,04-0,29 e 0,05-0,21 na raça Landrace e 0,16-0,30; 0,10-0,37 e 0,09-0,32 na raça Large White, para NTLN, NLNV e NLV5, respectivamente). A alta correlação de posto entre os valores genéticos do NLNV e NLV5 sugere que não há necessidade do controle para o NLV5 neste programa de melhoramento genético. Maiores ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção no NLNV de fêmeas primíparas, em função da diminuição do intervalo de gerações.

Palavras-chave: correlação, herdabilidade, leitões, modelo, seleção

ABSTRACT

This study aimed to estimate genetic parameters for total number of piglets born (NTLN), number of piglets born alive (NLNV) and number of piglets alive at five days of age (NLV5) using random regression models and to evaluate the best way for modelling the residual variance in the description of the genetic trajectories of litter size in Landrace and Large White breeds. The data came from a swine breed improvement program, and a total of 2388 and 2325 litter size records of Landrace and Large White, respectively were used in the analyses. The models considering homogeneous residual variance showed the best goodness of fit for NTLN and NLV5 and the model with four classes of residual variances was most appropriate for NLNV (BIC). In the Landrace breed, the maternal effect was not

significant. The model including maternal effect and four classes of residual variance adequately described NTLN of Large White breed and the models without maternal effect and with homogeneous residual variance were most appropriate to describe NLNV and NLV5. The regression coefficients of the intercept (b0) and linear (b1) showed a positive correlation in all analyses, but in Large White the magnitude of the correlation values were higher (0.90, 0.81 and 0.79 for NTLN, NLNV and NLV5, respectively). The estimated heritability for NTLN, NLNV and NLV5 ranged from low to high (0.08-0.34, 0.04-0.29 and 0.05-0.21 in Landrace breed and 0.16--0.30, 0.10-0.37, 0.09-0.32 in Large White breed.). The magnitude of the rank correlations between breeding values of NLNV and NLV5 suggests the recording of NLV5 is not necessary in this breed improvement program High genetic gains can be obtained by selecting NLNV of primiparous females, due to reduction of the generation interval.

Keywords: *correlation, heritability, piglets, model, selection*

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o quarto maior produtor e exportador mundial e o maior produtor da América do Sul de carne suína que é a fonte de proteína animal mais consumida no mundo (ABIPECS, 2011 e EMBRAPA, 2011). Além disso, possui o terceiro maior plantel mundial de matrizes, com aproximadamente 40 milhões de animais (FAO, 2010 e EMBRAPA, 2011).

A genética de suínos no Brasil é uma das mais avançadas do mundo, sendo a alta qualidade e especificidade dos reprodutores (machos e fêmeas) utilizados nas granjas comerciais um dos segmentos de maior evolução (Holanda *et al.*, 2005 e Rohenkohl, 2009). Os descendentes destes animais de alto valor genético para características produtivas e reprodutivas geram retorno econômico para os criadores e atendem as exigências do consumidor.

A obtenção de material genético de qualidade, por sua vez, requer programas de melhoramento bem fundamentados, que forneçam animais com valores genéticos acurados e precisos. Desta forma, as estimativas dos parâmetros genéticos, permitem a predição dos valores genéticos dos animais para diversas características de importância econômica e assim, são estabelecidos os critérios para a seleção dos reprodutores.

A lucratividade de um sistema de produção animal depende de diversas características produtivas e reprodutivas. No entanto, o principal objetivo do melhoramento genético é promover mudanças nas frequências alélicas de uma população para favorecer as características de maior interesse. Desta maneira, características relevantes para o sistema de produção que possuam medidas repetidas, podem ser analisadas por modelo repetibilidade, que considera todas as medidas da característica como sendo a mesma característica (Pereira *et al.*, 2000), ou modelo multicaracterísticas, que consideram cada medida da mesma variável como uma característica diferente (Gressler *et al.*, 2000), para predição de valores genéticos dos animais e estabelecimento de critérios de seleção.

Deve-se considerar que características longitudinais, ou seja, características medidas várias vezes durante a vida do animal, também podem ser analisadas por meio de modelos de repetibilidade, ou por modelos multicaracterísticas. Contudo, os pesquisadores reconhecem que para este tipo de característica, os modelos de regressão aleatória são mais apropriados, por acomodarem todos os registros de cada característica que mudam gradualmente ao longo da trajetória de produção, sem qualquer tipo de ajuste (Mercadante *et al.*, 2002).

Portanto, objetivou-se com a realização desta pesquisa, estimar parâmetros genéticos para o número total de leitões nascidos, número de leitões nascidos vivos e número de leitões vivos aos cinco dias de idade com modelos de regressão aleatória utilizando polinômios de Legendre com diferentes ordens e verificar qual melhor modelo para avaliar as trajetórias genéticas do tamanho da leitegada de fêmeas das raças Landrace e Large White em função da ordem de parição.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Produção de Suínos

As bases do desempenho da cadeia produtiva de suínos devem-se aos avanços tecnológicos, genéticos e ao modelo de organização do setor suinícola, conhecido como integração. A integração da produção através de contratos ou programas de fomento é a forma mais difundida de coordenação da transação entre suinocultores e agroindústrias nos principais países produtores de carne suína, inclusive, no Brasil, e sua participação e importância vêm crescendo nas últimas décadas (Miele e Waquil, 2007).

O Brasil é o quarto maior produtor e exportador, e o sexto maior consumidor de carne suína. Nos anos recentes, sua competitividade esteve comprometida, de um lado pela valorização do Real, de outro, pelas mudanças de procedimentos em alguns mercados, então o fortalecimento do mercado interno tornou as vendas domésticas mais atrativas do que exportar. Em 2011, o setor produziu 3,36 milhões de toneladas de carne, além disso, nesse mesmo ano, as exportações brasileiras de carne suína foram de 516 mil toneladas, para cerca de 60 países, atingindo a cifra de US\$ 1,43 bilhão (ABIEPCS, 2011).

O aumento da eficiência produtiva dos suínos está diretamente relacionado às mudanças na estrutura do melhoramento genético, que passou a ser disposto em granjas núcleos, multiplicadoras e de produção para abate, o que possibilitou a entrada de empresas multinacionais de melhoramento no país nos últimos 45 anos (Irgang, 1998). Inicialmente, o melhoramento se pautava na substituição de reprodutores de raças de pelagem colorida por reprodutores brancos e na substituição de matrizes puras por cruzadas. Entretanto, nos dias atuais faz-se uso de material genético particularizado em granjas comerciais, proveniente de empresas especializadas (Fávero e Figueiredo, 2009).

Com a finalidade de se obter produto de qualidade, em grande quantidade, e custo mínimo, várias inovações tecnológicas foram desenvolvidas na suinocultura tanto na área de desenvolvimento de insumos químicos e de rações, que propiciam maiores índices de produtividade e eficiência produtiva, como também na área de processos produtivos, novas técnicas relacionadas ao abate e processamento vem sendo incorporadas, visando atender às exigências do mercado interno e externo. Na esfera da comercialização e distribuição, ampliou-se a tendência de maior utilização de tecnologias de informação (TI) para o gerenciamento das granjas (Santini e Souza Filho, 2004).

Para se obter um suíno terminado de boa qualidade, é necessário que o leitão seja desmamado em boas condições, pois o desempenho dos animais em crescimento e terminação depende de seu desenvolvimento nas fases de gestação, aleitamento e creche (Pires *et al.*, 2000a).

A determinação das características a serem avaliadas é passo fundamental no estabelecimento de estratégias para obtenção de maior ganho genético. Esse processo de avaliação deve considerar a importância econômica da característica de interesse, a variabilidade genética, e a facilidade de mensuração dessa característica na suinocultura e as associações existentes com outras características economicamente relevantes (Alves, 2007).

De acordo com Lopes (2004), os avanços genéticos de alguns programas de melhoramento animal possibilitaram a ênfase nas características de leitegada, principalmente tamanho de leitegada. Abdicou-se, portanto, da idéia de que não compensava selecionar para características com baixas herdabilidades como tamanho de leitegada ao nascer, a desmama e taxa de sobrevivência de leitões até o desmame, cujas estimativas de herdabilidades são próximas de zero (Irgang, 1985).

Ferraz *et al.* (1991) e Irgang (1998) ressaltam que nas últimas décadas foram observadas melhorias no desempenho zootécnico dos suínos, que possibilitaram a diminuição da idade à puberdade de fêmeas de sete a oito para quatro a cinco meses, aumento do número de nascidos por leitegada de sete a oito para 10 a 12 leitões e redução do período de desmama de 42 para 21 dias. Portanto, mesmo nas características reprodutivas que apresentam baixa herdabilidade e conseqüentemente menor resposta à seleção, os avanços têm sido notáveis.

As melhoras de desempenho zootécnico, ressaltadas por Ferraz *et al.* (1991) e Irgang (1998), estão diretamente associadas às diversas modificações no manejo dos suínos, que objetivavam a redução do intervalo de parto e aumento do número de partos/porca/ano. Apontam-se nessas alterações, a redução do período de aleitamento de 35 a 50 para 17 a 25 dias. Embora essa redução no período de aleitamento aumente o número de leitegada/porca/ano, pode resultar em prejuízos na capacidade reprodutiva das fêmeas pós-desmame (Poleze, 2004).

2.1.1. Tamanho de leitegada

A prolificidade é uma das características mais importantes para o melhoramento genético de suínos (Avalos e Smith, 1987). As linhagens maternas destinadas à reprodução têm sido melhoradas geneticamente, para se tornarem hiperprolíficas. Este direcionamento e mudanças de manejo possibilitaram o aumento do número de leitões desmamados/porca/ano de 21 a 23 para 25 até 30 leitões, o que promoveu aumento da produtividade e, conseqüentemente, maior ganho econômico (Panzardi *et al.*, 2009).

Lopes (2004) reafirma a importância do tamanho da leitegada, que é o principal componente da produtividade da fêmea. Portanto, estimativas de parâmetros genéticos acuradas são essenciais para determinar os valores genéticos e otimizar a predição da resposta genética à seleção (Costa *et al.*, 2001).

De acordo com Alves (2007), o tamanho da leitegada é uma característica que exerce grande influência sobre a eficiência reprodutiva e, por esse motivo, recebe mais atenção dos pesquisadores em melhoramento animal. A eficiência reprodutiva, do ponto de vista estritamente econômico, pode ser avaliada pelo número de leitões desmamados/porca/ano, que depende de uma série de eventos que atuam de forma conjunta.

O número total de leitões nascidos e o número de nascidos vivos são as variáveis mais utilizadas para referenciar o tamanho de leitegada. O número total de leitões ao nascimento é o resultado de eventos que vão da ovulação ao momento do parto. Já o

número de leitões nascidos vivos está mais relacionado a fatores que atuam do final da gestação ao momento do parto (Alves, 2007).

Ferraz e Johnson (1993) destacam que a produtividade das porcas é cercada por um complexo de fatores que envolvem a fertilidade, a prolificidade, a capacidade leiteira, a habilidade materna, além de outras variáveis, que podem ser avaliadas pelo comportamento das leitegadas, em tamanho ou peso, na fase compreendida entre o nascimento e a desmama. A inclusão de características reprodutivas, como o tamanho da leitegada, em programas de melhoramento genético de suínos ainda é questionada por alguns pesquisadores, em razão de suas baixas herdabilidades e por serem expressas tardiamente na vida do animal (Rothschild, 2011).

Entretanto, Torres Filho (2001) ressalta que, apesar da dificuldade de se trabalhar com características reprodutivas, em linhas maternas, o tamanho da leitegada deve ser considerado na avaliação genética em programas de melhoramento por sua importância econômica.

2.2. Modelo de regressão aleatória

Quando várias medidas de uma característica, como produção de leite, tamanho da leitegada, peso corporal, entre outras, podem ser obtidas no mesmo indivíduo, a característica é considerada longitudinal. A análise dessas características pode ser realizada por meio de modelos unicaracterística, repetibilidade, multicaracterísticas e de regressão aleatória (Assis *et al.*, 2006).

No modelo de repetibilidade todas as medidas são consideradas como sendo o mesmo caráter (Pereira *et al.*, 2000). Assim, o valor genético aditivo do animal é constante ao longo de todas as medições. Desta forma, esse modelo pressupõe que as variâncias genéticas e não genéticas não variam ao longo do tempo, ou seja, que as correlações entre as medidas repetidas sejam iguais à unidade (Sarmiento, 2007).

No entanto, a variância de uma característica pode diferir de acordo com o momento em que ela se expressa, comportando-se como diferentes variáveis (Gressler *et al.*, 2000). Portanto, podem ser analisadas por meio do modelo multicaracterísticas, que considera simultaneamente associações entre todas as características, e utiliza as correlações genéticas e fenotípicas nesta avaliação. Diferente da análise unicaracterística, a multicaracterística, faz uso simultâneo de todas as informações de cada variável avaliada, o que aumenta a acurácia das avaliações (Silva *et al.*, 2008).

Os modelos de regressão aleatória (MRA), também chamados de modelos de dimensão infinita, possibilitam a análise de medidas tomadas várias vezes durante a vida de um animal, sem qualquer tipo de ajuste. Não requerem pressuposições quanto à constância das variâncias e das correlações e aumenta a acurácia da avaliação (Meyer, 2000; Dias *et al.*, 2006 e Cavalcante-Neto *et al.*, 2011).

A superioridade do MRA sobre o modelo multicaracterísticas decorre da modelagem mais adequada das variâncias e parâmetros genéticos e da eliminação dos ajustes para idade (Meyer, 2004). Segundo Dionello *et al.* (2006), outra vantagem da utilização de modelos de regressão aleatória seria o uso de maior número de registros de

desempenho, pois esses modelos não exigem número mínimo de medidas por animal, o que, por sua vez, permite maior precisão das estimativas de valor genético dos animais.

Os modelos de regressão aleatória têm sido amplamente utilizados para analisar várias características em algumas espécies de animais domésticos, inclusive em suínos (Huisman *et al.*, 2002).

Na maioria dos trabalhos realizados com dados de crescimento de bovinos de corte, as funções que descrevem a trajetória média de crescimento e os comportamentos dos efeitos genéticos aditivos diretos e de ambiente permanente direto foram modeladas por meio de polinômios ortonormais e ortogonais, como os polinômios de Legendre (Albuquerque e Meyer, 2001; Schenkel *et al.* 2002; Nobre *et al.* 2003a; Nobre *et al.* 2003b; Sakaguti *et al.* 2003; Bohmanova *et al.* 2005; Dias *et al.* 2006). Em suínos, Lukovic *et al.* (2003); Lukovic *et al.* (2004) e Lukovic *et al.* (2007), demonstraram que os polinômios de Legendre podem ser utilizados para modelar os efeitos aleatórios, e estes são definidos para o intervalo entre -1 e 1.

A obtenção dos polinômios de Legendre consiste da padronização da parição j (p_j , da escala original) para o intervalo entre -1 e 1 (p_j^*) (Lukovic *et al.* 2003). Esta padronização pode ser realizada por meio da equação:

$$ip_j^* = \frac{2(p_j - p_{\min})}{p_{\max} - p_{\min}} - 1 \quad [1],$$

em que: p_{\min} e p_{\max} , representam a primeira e a última parição do intervalo original, respectivamente. Em seguida, os coeficientes dos polinômios $\phi_l(p_l^*)$ são obtidos pela equação (Abramowitz e Stegun, 1965):

$$\phi_l(p_l^*) = \frac{1}{2^l} \sqrt{\frac{2l+1}{2}} \sum_{m=0}^{[l/2]} (-1)^m \binom{l}{m} \binom{2l-2m}{l} (ip_j^*)^{l-2m},$$

em que: l , representa a ordem do polinômio; e o colchete sobre o somatório $[.]$ indica que o número em seu interior é arredondado para baixo, considerando o valor inteiro mais próximo.

O modelo simples de regressão aleatória para o tamanho da leitegada em função da ordem de parição, modelados com polinômios de Legendre pode ser definido como:

$$y_{ijk} = F_{ij} + \sum_{l=0}^{L_f-1} \phi_l(p_{jk}^*) \beta_l + \sum_{l=0}^{L_a-1} \phi_l(p_{jk}^*) \alpha_{kl} + \sum_{l=0}^{L_p-1} \phi_l(p_{jk}^*) \rho_{kl} + e_{ijk} \quad [2],$$

em que: y_{ijk} , representa o tamanho da leitegada i na parição j do animal k , F_{ij} representa a matriz de incidência dos efeitos fixos, β_l , representa o coeficiente de regressão l , da ordem de parição sobre o tamanho da leitegada (considerado fixo); α_{kl} , o coeficiente de regressão aleatória genético aditivo direto l , do animal k ; e ρ_{kl} , o coeficiente de regressão aleatória de ambiente permanente direto l , do animal k . Os coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos diretos são utilizados para modelar os desvios individuais em torno da trajetória média de produção (Schaeffer, 2004).

Efeitos genéticos aditivos maternos e de ambiente permanente materno também podem ser incluídos em [2] (Albuquerque e Meyer, 2001; Nobre *et al.* 2003a; Nobre *et al.* 2003b e Dias *et al.* 2006):

$$y_{ijk} = F_{ij} + \sum_{l=0}^{L_f-1} \phi_l(p_{jk}^*) \beta_l + \sum_{l=0}^{L_a-1} \phi_l(p_{jk}^*) \alpha_{kl} + \sum_{l=0}^{L_m-1} \phi_l(p_{jk}^*) m_{kl} + \sum_{l=0}^{L_{\rho m}-1} \phi_l(p_{jk}^*) \rho m_{kl} + \sum_{l=0}^{L_p-1} \phi_l(p_{jk}^*) \rho_{kl} + e_{ijk} \quad [3],$$

em que: y_{ijk} , representa o tamanho da leitegada i na parição j do animal k , F_{ij} representa a matriz de incidência dos efeitos fixos, β_l , representa o coeficiente de regressão l , da ordem de parição sobre o tamanho da leitegada (considerado fixo); α_{kl} , o coeficiente de regressão aleatória genético aditivo direto l , do animal k ; m_{kl} , o coeficiente de regressão aleatória genético materno l , do animal k ; ρm_{kl} , o coeficiente de regressão aleatória de ambiente permanente materno l , do animal k e ρ_{kl} , o coeficiente de regressão aleatória de ambiente permanente direto l , do animal k . Os coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos diretos são utilizados para modelar os desvios individuais em torno da trajetória média de produção (Schaeffer, 2004).

Para os efeitos aleatórios de [3], as seguintes pressuposições podem ser assumidas:

$$V \begin{bmatrix} \alpha \\ m \\ \rho \\ \rho m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_m \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_\rho \otimes I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & K_{\rho m} \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}, \quad [4],$$

em que: $K_a, K_m, K_\rho, K_{\rho m}$ representam as matrizes de (co)variâncias dos coeficientes usados para modelar os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente; A , a matriz de parentesco; I , uma matriz identidade; e R , uma matriz de variâncias residuais. A matriz de variâncias residuais pode ser ajustada de forma a considerar variâncias residuais heterogêneas, em função da ordem de parição dos animais.

Os coeficientes de $K_a, K_m, K_\rho, K_{\rho m}$ e de R podem ser estimados a partir dos componentes de variância obtidos em análises multicaracterísticas (Kirkpatrick *et al.*, 1990) ou diretamente a partir dos dados observados, pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (Meyer e Hill, 1997). Com a utilização de técnicas de estimação a partir dos dados, também é possível obter os coeficientes de K_ρ e, portanto, estas técnicas parecem ser preferidas.

Após a obtenção dos coeficientes das funções de covariâncias, as soluções para os efeitos fixos e aleatórios podem ser obtidas resolvendo-se o seguinte sistema de equações de Modelos Mistos para o modelo de regressão aleatória (Mrode, 2005; Silva *et al.*, 2008):

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + K_a^{-1} \otimes A^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + K_\rho^{-1} \otimes I \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \\ \hat{p} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \end{pmatrix} \quad [5].$$

Então, o vetor $\hat{\beta}$ contém as soluções para os efeitos fixos, inclusive os coeficientes que definem a trajetória média de produção, $\hat{\alpha}$ contém as soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos diretos de cada animal presente em A , e \hat{p} contém as soluções para os coeficientes de regressão aleatórios de ambiente permanente direto.

No caso da utilização de polinômios de Legendre para obtenção dos coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos diretos, as soluções para os coeficientes não são utilizadas diretamente para classificação dos animais. A classificação só é possível após a conversão dos coeficientes nos valores genéticos para o ponto de interesse (Mrode, 2005). Para os candidatos a seleção (k), o valor genético aditivo para o tamanho da leitegada na ordem de parição j (VG_{jk}), pertencente ao intervalo considerado, pode ser obtido por:

$$VG_{jk} = t_j \hat{\alpha}_k \quad [6],$$

em que: $t_j = \sum_{l=0}^{L_a-1} \phi_l(p_j^*)$, representa um vetor com os coeficientes do polinômio de Legendre para a parição j de interesse.

Até o momento, as pesquisas com MRA têm sido realizadas para obter modelos parcimoniosos para ajuste das funções de covariâncias genéticas e de ambiente permanente (Albuquerque e Meyer, 2001; Huisman *et al.*, 2002; Bohmanova *et al.*, 2005; Meyer, 2005; Dias *et al.*, 2006; Misztal, 2006), residuais (Toral *et al.*, 2009; Cavalcante-Neto *et al.*, 2011).

Neste contexto, os modelos de regressão aleatória são capazes de explicar melhor a variabilidade associada às medidas repetidas do que os outros modelos empregados em avaliação genética. Esses modelos permitem a obtenção de diferentes curvas de valores genéticos associadas aos diferentes indivíduos e considera as mudanças nas variâncias genéticas e residuais ao longo do tempo (Resende *et al.*, 2001). Portanto, são mais realísticos e possibilitam a predição de valores genéticos para a trajetória de produção.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de uma granja de melhoramento de suínos do estado de Minas Gerais. O banco de dados foi composto por características reprodutivas de fêmeas, como número total de leitões nascidos (NTLN), número de leitões nascidos vivos (NLNV) e número de leitões vivos aos cinco dias (NLV5), de animais puros das raças Landrace e Large White. O arquivo da raça Landrace foi composto por dados de 929 fêmeas (408 meias-irmãs, 511 irmãs completas e 14 com grau de parentesco mais distante), com 2388 partos, ocorridos de 2005 a 2010, e arquivo de pedigree contendo 1108 animais (87 pais e 433 mães). Já o arquivo com dados da raça Large White foi composto por informações de 860 fêmeas (392 meias-irmãs, 456 irmãs completas e 12 com grau de parentesco mais distante), com 2325 partos, ocorridos de 2005 a 2010 e arquivo de pedigree com 1038 animais (91 pais e 405 mães).

Os procedimentos descritos a seguir foram realizados para os dois grupos genéticos (Landrace e Large White), individualmente. As análises de consistência e a edição do banco de dados foram realizadas por meio de ferramentas do EXCEL. Dados que continham ordem de parto duplicada, animais com identificação menor que a dos seus pais e época de parição inferior a época de nascimento foram eliminados. Análises exploratórias foram realizadas para estimar médias, desvios-padrão e número de observações disponíveis para o tamanho da leitegada em cada ordem de parição. A partir destas análises, foi possível identificar eventuais *outliers* e utilizar medidas corretivas (conferência, correção ou descarte de observações).

As médias do número total de leitões nascidos, número de leitões nascidos vivos e número de leitões vivos aos cinco dias em porcas Landrace e Large White estão descritas nas tabelas 1 e 2.

TABELA 1. Número de observações, média, desvio-padrão (Dp) e coeficiente de variação (CV) por parição, para as características avaliadas em animais Landrace

Parições	Variáveis						
	Nº de obs.	Média	Max.	Min.	Dp	CV(%)	
NTLN ^a	1	919	14,16	20	1	3,24	22,86
	2	619	13,97	20	1	3,46	24,79
	3	382	14,66	20	4	3,21	21,91
	4	227	14,71	20	1	3,41	23,17
	5	152	15,08	20	4	3,19	21,17
	6	89	13,90	20	1	4,02	28,90
Média	-	2388	14,41	20	2	3,42	23,80
NLNV ^b	1	919	12,53	19	1	2,99	23,86
	2	619	12,43	20	1	3,19	25,63
	3	382	13,01	20	3	2,96	22,79
	4	227	12,48	20	1	3,29	26,39
	5	152	12,54	18	3	2,71	21,62
	6	89	11,71	18	1	3,51	29,96
Média	-	2388	12,45	19	2	3,11	25,04
NLV5 ^c	1	919	12,05	19	1	3,05	25,27
	2	619	11,69	19	1	3,49	29,89
	3	382	12,28	20	3	3,18	25,93
	4	227	11,60	19	1	3,63	31,27
	5	152	11,89	18	3	2,93	24,59
	6	89	11,42	18	1	3,44	30,14
Média	-	2388	11,82	19	2	3,29	27,85

^aNúmero total de leitões nascidos; ^bNúmero de leitões nascidos vivos; ^cNúmero de leitões vivos ao quinto dia.

TABELA 2. Número de observações, média, desvio-padrão (Dp) e coeficiente de variação (CV) por parição, para as características avaliadas em suínos Large White

Parições	Variáveis						
	Nº de obs.	Média	Max.	Min.	Dp	CV(%)	
NTLN ^a	1	853	13,67	24	1	3,42	25,00
	2	586	13,91	24	2	3,79	27,25
	3	388	14,76	26	4	4,1	27,81
	4	251	15,08	25	3	4,08	27,07
	5	165	14,41	23	2	4,12	28,58
	6	82	14,18	21	2	4,41	31,06
Média	-	2325	14,34	24	2	3,99	27,80
NLNV ^b	1	853	12,04	19	1	3,16	26,23
	2	586	12,43	20	1	3,33	26,80
	3	388	13,06	20	2	3,43	26,29
	4	251	13,09	20	3	3,49	26,64
	5	165	12,24	20	1	3,56	29,09
	6	82	12,21	19	2	3,54	29,00
Média	-	2325	12,51	20	2	3,42	27,34
NLV5 ^c	1	853	11,74	19	1	3,16	26,94
	2	586	11,89	20	1	3,48	29,24
	3	388	12,47	20	1	3,59	28,77
	4	251	12,61	19	1	3,56	28,26
	5	165	11,67	19	1	3,57	30,56
	6	82	11,70	19	1	3,81	32,57
Média	-	2325	12,01	19	1	3,53	29,40

^aNúmero total de leitões nascidos; ^bNúmero de leitões nascidos vivos; ^cNúmero de leitões vivos ao quinto dia.

Os tamanhos das leitegadas foram analisados por meio de modelo animal em regressão aleatória. As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, cujas ordens de parições foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre. Os modelos ajustados por funções de diferentes ordens (2^a, 3^a, 4^a, 5^a e 6^a ordem) para os efeitos aleatórios considerando o efeito genético materno (modelo 2) ou não (modelo 1), para as três características avaliadas, podem ser representados como segue:

$$\text{Modelo 1: } y_{ijk} = F_{ij} + \sum_{l=0}^{L_f-1} \phi_l(p_{jk}^*) \beta_l + \sum_{l=0}^{L_a-1} \phi_l(p_{jk}^*) \alpha_{kl} + \sum_{l=0}^{L_p-1} \phi_l(p_{jk}^*) \rho_{kl} + e_{ijk}$$

$$\text{Modelo 2: } y_{ijk} = F_{ij} + \sum_{l=0}^{L_f-1} \phi_l(p_{jk}^*) \beta_l + \sum_{l=0}^{L_a-1} \phi_l(p_{jk}^*) \alpha_{kl} + \sum_{l=0}^{L_m-1} \phi_l(p_{jk}^*) m_{kl} + \sum_{l=0}^{L_p-1} \phi_l(p_{jk}^*) \rho_{kl} + e_{ijk}$$

em que y_{ij} é o tamanho da leitegada i na parição j da porca k ; F_{ij} refere-se a um conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (mês e ano de parição) e idade da porca ao parto; β_l é o coeficiente de regressão fixo do tamanho da leitegada sobre o polinômio de Legendre l , com l_f ordem do polinômio para a curva média, variando de dois a seis ($l_f = 2, 3, \dots, 6$) para modelar a curva média de produção da população; α_{kl} , m_{kl} e ρ_{kl} são os coeficientes de regressão genético aditivo e materno e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para a porca k ; l_a , l_m e l_p são as ordens de ajuste dos polinômios de Legendre; ϕ_l é a função polinomial de Legendre da ordem de parição padronizada l ($-1 < \text{parição} < 1$); e e_{ijk} denota o efeito aleatório residual. Na forma matricial, os modelos anteriores podem ser descritos como:

$$\text{Modelo 1: } y = X\beta + Z_1\alpha + Z_3\rho + e$$

$$\text{Modelo 2: } y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2m + Z_3\rho + e$$

em que: y , representa o vetor com o tamanho da leitegada dos animais; X , a matriz de incidência de feitos fixos de grupo contemporâneo (mês e ano de parição) e idade da porca ao parto; β , o vetor com as soluções para os efeitos fixos de grupo contemporâneo (mês e ano de parição) e idade da porca ao parto e coeficientes de regressão que descrevem a trajetória média da população; Z_1 , a matriz de incidência com os coeficientes dos polinômios utilizados para modelar os efeitos genéticos aditivos diretos; α , o vetor com as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genéticos aditivos diretos; Z_2 , a matriz de incidência com os coeficientes dos polinômios utilizados para modelar os efeitos genéticos maternos; m , o vetor com as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genéticos maternos; Z_3 , a matriz de incidência com os coeficientes dos polinômios utilizados para modelar os efeitos de ambiente permanente direto; ρ , o vetor com as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos de ambiente permanente direto e e , o vetor com os resíduos. E assume-se;

$$E = \begin{pmatrix} y \\ a \\ m \\ \rho \\ e \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } V \begin{pmatrix} \alpha \\ m \\ \rho \\ e \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & \sigma_{K_a K_m} & 0 & 0 \\ \sigma_{K_a K_m} & K_m \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_p \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

K_a , K_m e K_p são, respectivamente, as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo e materno e de ambiente permanente direto; A é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco, de Wright, entre os indivíduos; I é a matriz identidade; \otimes é o produto Kronecker; R é uma matriz diagonal de variância residual.

Adicionalmente foi considerado que:

em que $\sigma_{\alpha_l}^2$ é a variância genética aditiva para o coeficiente de regressão de ordem l , demais termos são as covariâncias genéticas aditivas entre os coeficientes de regressão; $\sigma_{m_l}^2$ é a variância genética materna para o coeficiente de regressão de ordem l , demais termos são as covariâncias genéticas maternas entre os coeficientes de regressão; e $\sigma_{\rho_l}^2$ é a variância de ambiente permanente de animal para o coeficiente de regressão de ordem l , demais termos são as covariâncias de ambiente permanente de animal entre os coeficientes de regressão.

$$G = A \otimes k_a = A \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{\alpha_1}^2 & \sigma_{\alpha_{12}} & \sigma_{\alpha_{13}} & \sigma_{\alpha_{14}} & \sigma_{\alpha_{15}} & \sigma_{\alpha_{16}} \\ \sigma_{\alpha_{21}} & \sigma_{\alpha_2}^2 & \sigma_{\alpha_{23}} & \sigma_{\alpha_{24}} & \sigma_{\alpha_{25}} & \sigma_{\alpha_{26}} \\ \sigma_{\alpha_{31}} & \sigma_{\alpha_{32}} & \sigma_{\alpha_3}^2 & \sigma_{\alpha_{34}} & \sigma_{\alpha_{35}} & \sigma_{\alpha_{36}} \\ \sigma_{\alpha_{41}} & \sigma_{\alpha_{42}} & \sigma_{\alpha_{43}} & \sigma_{\alpha_4}^2 & \sigma_{\alpha_{45}} & \sigma_{\alpha_{46}} \\ \sigma_{\alpha_{51}} & \sigma_{\alpha_{52}} & \sigma_{\alpha_{53}} & \sigma_{\alpha_{54}} & \sigma_{\alpha_5}^2 & \sigma_{\alpha_{56}} \\ \sigma_{\alpha_{61}} & \sigma_{\alpha_{62}} & \sigma_{\alpha_{63}} & \sigma_{\alpha_{64}} & \sigma_{\alpha_{65}} & \sigma_{\alpha_6}^2 \end{bmatrix},$$

$$M = A \otimes k_m = A \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{m_1}^2 & \sigma_{m_{12}} & \sigma_{m_{13}} & \sigma_{m_{14}} & \sigma_{m_{15}} & \sigma_{m_{16}} \\ \sigma_{m_{21}} & \sigma_{m_2}^2 & \sigma_{m_{23}} & \sigma_{m_{24}} & \sigma_{m_{25}} & \sigma_{m_{26}} \\ \sigma_{m_{31}} & \sigma_{m_{32}} & \sigma_{m_3}^2 & \sigma_{m_{34}} & \sigma_{m_{35}} & \sigma_{m_{36}} \\ \sigma_{m_{41}} & \sigma_{m_{42}} & \sigma_{m_{43}} & \sigma_{m_4}^2 & \sigma_{m_{45}} & \sigma_{m_{46}} \\ \sigma_{m_{51}} & \sigma_{m_{52}} & \sigma_{m_{53}} & \sigma_{m_{54}} & \sigma_{m_5}^2 & \sigma_{m_{56}} \\ \sigma_{m_{61}} & \sigma_{m_{62}} & \sigma_{m_{63}} & \sigma_{m_{64}} & \sigma_{m_{65}} & \sigma_{m_6}^2 \end{bmatrix} e$$

$$P = I \otimes k_\rho = I \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{\rho_1}^2 & \sigma_{\rho_{12}} & \sigma_{\rho_{13}} & \sigma_{\rho_{14}} & \sigma_{\rho_{15}} & \sigma_{\rho_{16}} \\ \sigma_{\rho_{21}} & \sigma_{\rho_2}^2 & \sigma_{\rho_{23}} & \sigma_{\rho_{24}} & \sigma_{\rho_{25}} & \sigma_{\rho_{26}} \\ \sigma_{\rho_{31}} & \sigma_{\rho_{32}} & \sigma_{\rho_3}^2 & \sigma_{\rho_{34}} & \sigma_{\rho_{35}} & \sigma_{\rho_{36}} \\ \sigma_{\rho_{41}} & \sigma_{\rho_{42}} & \sigma_{\rho_{43}} & \sigma_{\rho_4}^2 & \sigma_{\rho_{45}} & \sigma_{\rho_{46}} \\ \sigma_{\rho_{51}} & \sigma_{\rho_{52}} & \sigma_{\rho_{53}} & \sigma_{\rho_{54}} & \sigma_{\rho_5}^2 & \sigma_{\rho_{56}} \\ \sigma_{\rho_{61}} & \sigma_{\rho_{62}} & \sigma_{\rho_{63}} & \sigma_{\rho_{64}} & \sigma_{\rho_{65}} & \sigma_{\rho_6}^2 \end{bmatrix}$$

Os componentes de (co)variância entre coeficientes de regressão aleatórios para obtenção das estimativas de herdabilidades, correlações (genéticas e de ambiente permanente de animal), e valores genéticos das reprodutrizas, para o modelo selecionado com base em critérios de comparação de modelos, foram obtidos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando-se o programa Wombat (Meyer, 2007).

O sistema de equações de modelos mistos utilizado para obter estimativas de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios foi:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}Z_3 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + A^{-1} \otimes k_\alpha^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 & Z_1'R^{-1}Z_3 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + A^{-1} \otimes k_m^{-1} & Z_2'R^{-1}Z_3 \\ Z_3'R^{-1}X & Z_3'R^{-1}Z_1 & Z_3'R^{-1}Z_2 & Z_3'R^{-1}Z_3 + I \otimes k_\rho^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ \alpha \\ m \\ \rho \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z_1'R^{-1}Y \\ Z_2'R^{-1}Y \\ Z_3'R^{-1}Y \end{bmatrix}$$

As análises foram realizadas considerando-se alternativamente homogeneidade e heterogeneidade de variância residual. Na definição das variâncias residuais foram consideradas as seguintes classes de ordem de partição:

- 1 classe de variância residual – homogeneidade de variância residual;
- 2 classes de variância residual – ordem de partição 1 a 3 e 4 a 6;
- 3 classes de variância residual – ordem de partição 1 a 2, 3 a 4 e 5 a 6;
- 4 classes de variância residual – ordem de partição 1, 2, 3 a 4 e 5 a 6;
- 5 classes de variância residual – ordem de partição 1, 2, 3, 4 e 5 a 6;
- 6 classes de variância residual – ordem de partição 1, 2, 3, 4, 5 e 6.

Cada uma das seis classes foi combinada com todas as diferentes ordens de ajuste do polinômio de Legendre (2ª, 3ª, 4ª, 5ª e 6ª ordem) (Tabela 3), resultando em 30 modelos testados para cada característica, e com a inclusão ou não do efeito materno, ao todo foram testados 180 modelos (Apêndice), dos quais foram apresentados apenas os melhores modelos de acordo com os critérios de escolha de modelos.

TABELA 3. Identificação dos modelos resultantes das diferentes combinações entre classes de heterogeneidade de variância e ordem de ajuste do polinômio de Legendre

Heterogeneidade de Variância	Ordem do polinômio de Legendre				
	2ª	3ª	4ª	5ª	6ª
Classe 1	12	13	14	15	16
Classe 2	22	23	24	25	26
Classe 3	32	33	34	35	36
Classe 4	42	43	44	45	46
Classe 5	52	53	54	55	56
Classe 6	62	63	64	65	66

Os modelos, com diferentes graus polinomiais e estruturas de variância residual, foram comparados, inicialmente, pela mudança no logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log L), por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT). A estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão: $LRT_{ij} = 2 \text{ Log } L_i - 2 \text{ Log } L_j$, em que

$\text{Log } L_i$ é o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo i , e $\text{Log } L_j$ é o máximo da função de verossimilhança para o modelo reduzido j .

Para a escolha do melhor modelo (grau polinomial de Legendre x número de classes de variância residual) foi utilizado o critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC), que permite comparação entre os modelos não hierárquicos e impõe penalidades de acordo com o número de parâmetros a serem estimados. O modelo com menor valor é considerado o de melhor ajuste e segundo Huisman *et al.* (2002), o BIC é o mais rígido. O critério de informação BIC pode ser definido como:

$$BIC = -2 * \log L + p * \log(N - r(X))$$

Em que p é o número de parâmetros estimados; N , o número de observação; $r(X)$, o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos do modelo; e $\text{Log } L$, o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (Wolfinger, 1993).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. ANIMAIS LANDRACE

Para as três características avaliadas verificaram-se menores valores de logaritmo de verossimilhança ($\text{Log } L$) nos modelos com homogeneidade de variância residual (Tabela 4). Observou-se então que, com o aumento das classes de variância residual, houve aumento no $\text{Log } L$, sendo as diferenças entre o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo e o modelo menos completo significativas ($P > 0,01$) pelo teste da razão de verossimilhança.

TABELA 4. Número de parâmetros (N_p), logaritmo de verossimilhança ($\text{Log } L$), valores de LRT e BIC, para os modelos que mais se ajustaram aos dados de acordo com os critérios de escolha de modelos, considerando ou não a inclusão do efeito materno nesses modelos

Modelo	k_a	k_m	k_p	e	N_p	- Log L	BIC	LRT
Sem efeito materno								
	2	-	2	1	7	-3928	7879,70	4,78
NLTN	4	-	4	3	23	-3917,4	7912,36	2,83
	2	-	2	4	10	-3883,8	7801,39	3,01
NLNV	5	-	5	3	33	-3869,6	7850,54	3,59

	2	-	2	1	7	-3888,9	7801,35	3,56
NLV5	5	-	5	3	33	-3866,6	7844,46	3,82
Efeito materno								
	2	2	2	1	10	-3927,1	7887,97	6,86
NTLN	5	5	5	2	47	-3910,9	7980,17	7,15
	2	2	2	1	10	-3761,9	7557,49	4,47
NLNV	6	6	6	2	65	-3736,7	7692,15	0,01
	2	2	2	5	14	-3878,6	7804,46	2,58
NLV5	5	5	5	2	47	-3865,7	7889,71	8,69

NTLN - Número total de leitões nascidos; NLNV - Número de leitões nascidos vivos; NLV5 - Número de leitões vivos aos 5 dias; k_a - ordem do polinômio para o efeito genético aditivo direto; k_m - ordem do polinômio para o efeito genético materno; k_p ordem do polinômio para o efeito de ambiente permanente direto; e e número de classes residuais consideradas

O Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) permite comparações apenas entre modelos hierárquicos e tende a favorecer modelos com alto número de parâmetros (Olori *et al.*, 1999; Meyer, 2000), que muitas vezes demandam maior tempo na avaliação genética por resultar em modelos muito parametrizados.

Embora a utilização do LRT seja comum no melhoramento animal, este pode não ser o melhor critério porque os valores de máxima verossimilhança sempre favorecem modelos com maior dimensionalidade possível (Mills e Prasad, 1992). Contudo, critérios de informação que envolvem máxima verossimilhança e penalizam pelo número de parâmetros, podem ser usados. Esses incluem o Critério de Informação Bayesiano de Schwartz (BIC) (Matos *et al.*, 1997).

O BIC indicou os modelos que consideravam as variâncias residuais homogêneas como aqueles que melhor se ajustaram aos dados, em quase todas as situações. Com relação à ordem polinomial, o modelo que melhor ajustou-se aos dados em todas as situações estudadas foi o que considerou o polinômio de Legendre de ordem dois, ou seja, o modelo linear.

Diante do exposto, os modelos que proporcionaram melhor ajuste para o número total de leitões nascidos e número de leitões vivos aos cinco dias foram os que consideraram a variância residual homogênea e não incluiu o efeito materno (BIC).

De acordo Cavalcante-Neto *et al.* (2011), as variações ao longo das curvas de produção em suínos, são atribuídas a diversos fatores, como estágio fisiológico, condições do parto, duração do período seco etc., que não são facilmente incorporados aos modelos de análise, em razão de não existirem informações sobre esses fatores. Com isso, essas variações são redirecionadas ao resíduo, sendo, portanto, necessário atribuir diferentes estruturas para o resíduo, o que mostra a importância de se considerar a heterogeneidade da variância residual por meio de modelos de regressão aleatória. Toral *et al.* (2009) avaliaram, em bovinos de corte, a utilização de diferentes estruturas para matriz de variância residual como, variâncias residuais homogêneas, classes de variâncias residuais e ajuste por meio de funções, semelhante ao estudo acima. Os autores sugeriram que a

utilização de classes de variâncias residuais proporcionou melhor ajuste para estimação de funções de covariância.

Portanto, o modelo que considerou a variância residual com quatro classes e não incluiu o efeito materno foi o mais adequado (BIC) para descrever o número de leitões nascidos vivos (NLNV). Todos os modelos selecionados foram sempre aqueles com menor número de parâmetros. Notou-se, portanto, que o efeito materno não foi significativo para o ajuste dos modelos nas três características em estudo.

Verificou-se que o coeficiente de regressão aleatório relativo ao intercepto (b_0) foi o que apresentou maior variância em todos os efeitos aleatórios dos modelos (Tabela 5). As correlações entre o intercepto e o coeficiente linear foram positivas e moderadas para o efeito genético aditivo direto. Portanto, quanto maior a variância para o efeito genético aditivo do intercepto maior será a inclinação na reta que descreve a sensibilidade das porcas à ordem de parição e quanto mais próximo for o valor da correlação entre o intercepto e o coeficiente linear da unidade, menor a possibilidade de reordenamento nos valores genéticos dos animais nas diferentes partições (Su *et al.*, 2006).

TABELA 5. Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória (b_0 e b_1) e os autovalores da matriz dos coeficientes

Efeito genético aditivo direto				Efeito de ambiente permanente			
	b_0	b_1	Autovalor (%)		b_0	b_1	Autovalor (%)
NTLN ^a ($k_a = 2$)				NTLN ^a ($k_p = 2$)			
b_0	2,632	0,600	84,29	b_0	0,537	-0,808	95,66
b_1	1,014	1,086	15,71	b_1	-0,174	0,086	4,34
NLNV ^b ($k_a = 2$)				NLNV ^b ($k_p = 2$)			
b_0	1,699	0,641	85,53	b_0	0,718	-0,722	91,67
b_1	0,713	0,729	14,47	b_1	-0,258	0,178	8,33
NLV5 ^c ($k_a = 2$)				NLV5 ^c ($k_p = 2$)			
b_0	1,177	0,488	80,33	b_0	0,150	-0,781	90,57
b_1	0,371	0,489	19,67	b_1	-0,170	0,314	9,43

NTLN^a – número total de leitões nascidos; NLNV^b – número de leitões nascidos vivos; NLV5^c – número de leitões vivos aos cinco dias.

Os resultados sugerem que boa parte dos animais com maiores valores genéticos aditivos nas primeiras partições para NTLN e NLNV também apresentarão maiores valores genéticos nas últimas partições, diferente do observado nos animais para NLV5, em que a correlação entre o intercepto e o linear para o efeito genético aditivo foi de 0,49. Já a correlação entre o intercepto e o coeficiente linear para o efeito de ambiente permanente foi alta e negativa. Albuquerque e Meyer (2001), em bovinos de corte, também encontraram maior valor de variância para o intercepto. No entanto, os autores obtiveram

correlações positivas entre os coeficientes de regressão relativos ao intercepto e ao linear, para todos os efeitos aleatórios, com valores moderados a altos.

Os autovalores das matrizes de covariância dos coeficientes de regressão aleatórios genéticos e de ambiente permanente quantificam a importância relativa de cada ordem dos polinômios de Legendre (Lukovic *et al.*, 2007). Os autovalores da função de covariância genética mostraram que o intercepto (termo constante) respondeu por 84,29; 85,53; e 80,33% da variabilidade genética aditiva para NTLN, NLNV e NLV5, respectivamente, e o restante da variabilidade foi explicado pela curva genética individual das fêmeas (NTLN=15,71%; NLNV=14,47%; NLV5=19,67%).

Observou-se leve declínio nas estimativas de variâncias genéticas entre o primeiro e o segundo parto com aumentos a partir do terceiro parto (Tabela 6). A variância de ambiente permanente foi decrescente ao longo das parições. Adicionalmente, a variância genética aditiva passou a representar maior proporção da variância fenotípica ao longo das parições, o que resultou em maiores valores de herdabilidades nas últimas parições.

As estimativas de variância genética foram mais elevadas nas últimas parições, nesse período houve menor número de registros de leitegadas, em função da seleção das matrizes que é realizada, nesse programa de melhoramento, por meio da combinação de dados de desempenho (ganho de peso diário, espessura de toucinho e porcentagem de carne magra) e do Índice de Produtividade de Fêmea (IPF - composto pelo NLV5 e peso da leitegada a desmama), assim as fêmeas deixam normalmente de duas a três leitegadas, portanto podem ocorrer dificuldades no ajuste dos modelos, os que resultaram em estimativas mais elevadas neste período. Dionello *et al.* (2006), ao estimarem parâmetros genéticos em primeiras lactações de vacas da raça Jersey, também obtiveram estimativas de variância genética elevadas no início e no final da lactação, períodos de menor número de informações.

TABELA 6. Estimativas das variâncias genética (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pem}^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), e herdabilidade (h^2), obtidas por modelos de regressão aleatória para o modelo que melhor ajustou-se aos dados para cada característica

Característica/Parição	Componentes de Variância					
	Modelo	$k_a = 2$	$k_p = 2$	$e = 1$		
NTLN ^a		σ_a^2	σ_{pem}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
1		1,19	0,7	8,95	10,84	0,11
2		0,85	0,5	8,95	10,3	0,08
3		1,03	0,33	8,95	10,32	0,1
4		1,73	0,21	8,95	10,9	0,16
5		2,96	0,13	8,95	12,04	0,25
6		4,7	0,1	8,95	13,75	0,34
Modelo		$k_a = 2$	$k_p = 2$	$e = 4$		
NLNV ^b		σ_a^2	σ_{pem}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2

1	0,71	1,07	7,6	9,38	0,08
2	0,5	0,72	10,06	11,29	0,04
3	0,65	0,46	9,49	10,59	0,06
4	1,14	0,28	9,49	10,91	0,1
5	1,98	0,19	7,53	9,7	0,2
6	3,18	0,18	7,53	10,89	0,29
Modelo	$k_a = 2$	$k_p = 2$	$e = 1$		
NLV5 ^c	σ_a^2	σ_{pem}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
1	0,66	0,6	8,95	10,2	0,06
2	0,5	0,56	8,95	10,01	0,05
3	0,6	0,54	8,95	10,1	0,06
4	0,98	0,52	8,95	10,45	0,09
5	1,62	0,51	8,95	11,08	0,15
6	2,53	0,51	8,95	11,98	0,21

NTLN^a – Número total de leitões nascidos; NLNV^b – Número de leitões nascidos vivos; NLV5^c – Número de leitões vivos aos cinco dias; k_a – ordem do polinômio para o efeito genético; k_p - ordem do polinômio para o efeito de ambiente permanente; e e número de classes residuais consideradas

As estimativas de herdabilidade do tamanho da leitegada em diferentes parições apresentaram grande variação (0,04-0,34) e leve declínio entre o primeiro e o segundo parto e aumento do terceiro parto em diante, com maiores valores nas últimas parições (Tabela 6). Irgang *et al.* (1994), também encontraram grandes variações nas estimativas de herdabilidade (0,021-0,283) ao estimarem parâmetros genéticos para suínos Landrace, Large White e Duroc, considerando as três primeiras parições.

Lukovic *et al.* (2004), ao estimarem parâmetros genéticos em animais das raças Landrace e Large White por intermédio de modelos de regressão aleatória, com seis parições, encontraram valores de herdabilidade que pouco variaram (0,10-0,13), que difere dos valores estimados no presente trabalho.

Lima *et al.* (2007), ao estudarem o comportamento de porcas primíparas e múltiparas na fase reprodutiva, verificaram que as fêmeas múltiparas estão mais adaptadas às condições gerais do ambiente e apresentam menor tempo na realização de determinado comportamento e índices zootécnicos melhores do que as primíparas, o que pode explicar a diminuição nas estimativas de herdabilidade da primeira para a segunda parição.

Portanto, estimativas obtidas em diferentes rebanhos, com composições genéticas variadas e criados em ambientes distintos, não são totalmente comparáveis, uma vez que, fatores como população, raça, condições de criação, sistemas de seleção, entre outros, podem determinar diferentes estimativas de herdabilidade para uma mesma característica.

As correlações genéticas para número de leitões nascidos vivos e vivos aos cinco dias (Tabela 7) foram maiores entre parições adjacentes tanto para NLNV (0,83 a 0,99)

quanto para NLV5 (0,81 a 0,99), e decresceram à medida que o intervalo entre as partições aumentou.

As estimativas de correlações de ambiente permanente, assim como as correlações genéticas, foram maiores entre partições adjacentes e decresceram à medida que o intervalo entre as partições aumentou, chegando a valores negativos, de -0,171 a 0,992 para NLNV e -0,052 a 0,992 para NLV5.

TABELA 7. Estimativas de correlações de efeito genético aditivo direto (diagonal superior) e de efeito de ambiente permanente direto (diagonal inferior) para número de leitões nascidos vivos e número de leitões vivos aos cinco dias (NLNV e NLV5) nas seis primeiras partições, obtidas por modelo de regressão aleatória

		Partição					
Partição\NLNV	1	2	3	4	5	6	
1		0,996	0,974	0,888	0,605	0,057	
2	0,88		0,99	0,925	0,673	0,145	
3	0,506	0,855		0,969	0,77	0,283	
4	0,162	0,611	0,933		0,903	0,51	
5	-0,047	0,432	0,837	0,978		0,83	
6	-0,171	0,316	0,763	0,944	0,992		
Partição\NLV5	1	2	3	4	5	6	
1		0,998	0,992	0,981	0,966	0,945	
2	0,893		0,998	0,991	0,98	0,963	
3	0,577	0,883		0,998	0,991	0,979	
4	0,272	0,676	0,943		0,998	0,99	
5	0,069	0,511	0,855	0,979		0,998	
6	-0,058	0,398	0,782	0,945	0,992		

As estimativas de correlações genéticas entre as várias partições foram altas e positivas, à exceção das correlações entre a quinta e a sexta partição com as demais, o que sugere que a seleção não deve ser realizada tardiamente. Até a quarta partição, todas as correlações genéticas entre os partos foram superiores a 0,80 e, segundo Robertson (1959), esse valor seria o limiar para a característica começar a perder importância biológica ou agrícola, no entanto, a maior correlação genética foi obtida entre o 1º e 2º parto (0,996), ou seja, a seleção de fêmeas primíparas seria mais eficiente.

A seleção na primeira partição, nesta situação, proporcionaria ganhos por meio da resposta correlacionada, uma vez que as correlações genéticas nesse período (1ª a 4ª partição) foram todas maiores que 0,80, indicando que a maioria dos genes que atuam em uma partição atua nas demais e no mesmo sentido, portanto, os melhores animais nas

primeiras partições também podem ser melhores nas demais partições (Robertson, 1959 e Cavalcante-Neto *et al.*, 2011), o que diminuiria o intervalo de gerações do plantel.

Por outro lado, Fernandez *et al.* (2008), ao estimar parâmetros genéticos para suínos Ibéricos em seis partições com modelos de regressão aleatória, em uma fazenda na Espanha, sugeriram que o número de leitões nascidos vivos no primeiro parto poderia ser considerado como característica geneticamente diferente das partições subsequentes, uma vez que as correlações genéticas entre a primeira partição e as posteriores variaram muito (0,95 a 0,58). Os resultados dos autores foram diferentes dos obtidos nesse estudo, pois até a quarta partição pode-se dizer que NLNV se comportou de forma semelhante, as variações obtidas pelos autores podem estar relacionadas às diferentes composições genéticas dos rebanhos, ambiente e condições de criação, sistemas de seleção a que os animais foram submetidos, tornando essas estimativas únicas para cada rebanho.

A correlação de rank entre os valores genéticos do número de leitões nascidos vivos e o número de leitões vivos aos cinco dias, período que considera a capacidade de criação da fêmea, e menor mortalidade dos leitões (Su *et al.*, 2007), tanto na primeira quanto na segunda partição, próxima da unidade (0,99), sugere que o registro do número de leitões vivos aos cinco dias poderia ser dispensado.

Em rebanhos nos quais os suínos possuam maior valor de mercado, pode ser interessante o aproveitamento das fêmeas de reposição por maior número de partos. Dessa forma, as matrizes podem permanecer no rebanho até a quarta partição, uma vez que as estimativas de correlação genética neste estudo foram altas da primeira à quarta partição.

Contudo, em rebanhos núcleos deve-se considerar alta intensidade de seleção (i), maior correlação entre o agregado genotípico e o índice de seleção (r_{HI}) e menor intervalo de gerações, para maximização do progresso genético. Nesse caso, a seleção de fêmeas primíparas resultaria em maior ganho genético decorrente principalmente do menor intervalo de gerações e também pela alta correlação genética para o número de leitões nos partos imediatamente subsequentes.

A maximização de ganhos genéticos em programas de melhoramento de suínos deve ser alicerçada na prática de alta intensidade de seleção nos rebanhos núcleos (100% de substituição de fêmeas/ano e 200% de seleção de machos/ano) (ABCS, 2011), o que reduz o intervalo de gerações, aumenta a I_{HI} por meio da captação de informações do pedigree, por exemplo, por modelos de Regressão Aleatória e, finalmente, exploração dos efeitos não aditivos (heterose) nos extratos multiplicadores e comerciais.

A partir da seleção de 50 fêmeas Landrace com os melhores valores genéticos do rebanho avaliado neste trabalho, ao longo das seis partições, e das estimativas dos coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos obtidas por meio de modelo de regressão aleatória para número de leitões nascidos vivos, construiu-se trajetórias de valores genéticos individuais em função da ordem de partição (Figura 1).

As trajetórias genéticas indicam uma leve interação entre os valores genéticos do número de leitões nascidos vivos e ordem de partição. Observa-se que houve reordenamento nos valores genéticos dos animais no decorrer das partições, a semelhança do que foi observado por Lukovic *et al.* (2003), ao predizerem valores genéticos para

número de leitões nascidos vivos em porcas na Eslovênia, também verificaram que alguns animais que eram melhores nas primeiras parições, não permaneceram os melhores nas últimas parições, outros não alteraram sua posição no decorrer das parições, e muitos animais que foram melhores as primeiras parições, continuaram como melhores nas sucessivas parições e com valores genéticos crescente no período de parição avaliado.

Curva de valores genéticos

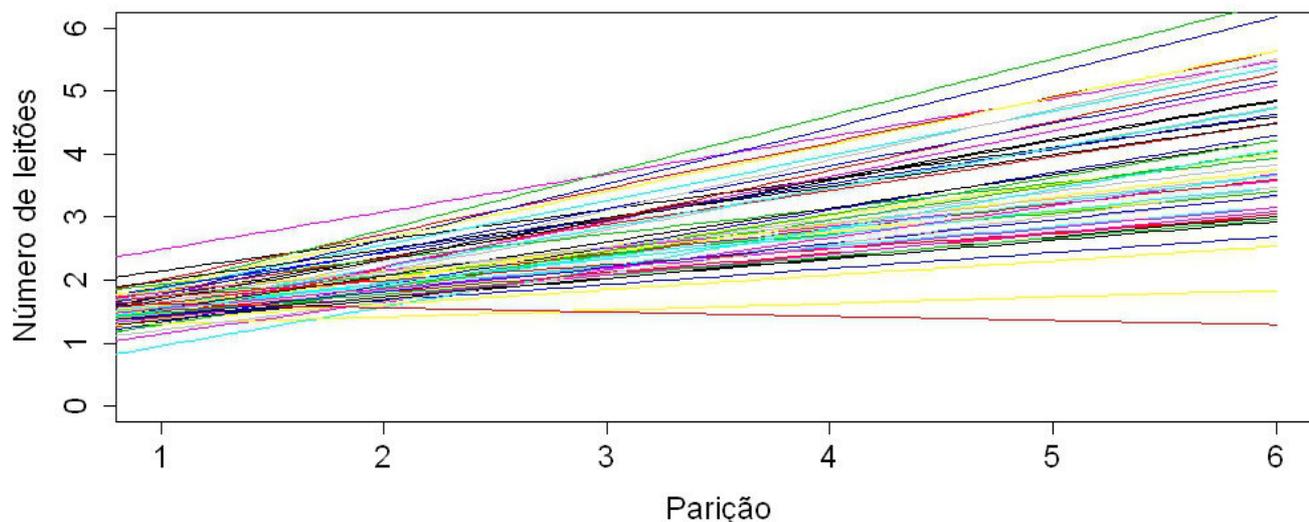


FIGURA 1. Trajetória dos valores genéticos para número de leitões nascidos vivos em função da ordem de parição das 50 melhores porcas Landrace.

4.2. ANIMAIS LARGE WHITE

Observaram-se menores valores de logaritmo de verossimilhança (Log L), nos modelos com variância residual homogênea (Tabela 8), portanto, com o aumento das classes de variância residual o Log L também aumentou. As diferenças entre o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo e o modelo menos completo, foram significativas ($P > 0,01$) pelo teste da razão de verossimilhança.

TABELA 8. Número de parâmetros (Np), logaritmo de verossimilhança (Log L), valores de LRT e BIC, para os modelos que mais se ajustaram aos dados de acordo com os critérios de escolha de modelos, considerando ou não a inclusão do efeito materno nesses modelos

Modelo	k_a	k_m	k_p	e	Np	Log L	BIC	LRT
Sem efeito materno								
NTLN	3	-	3	2	14	-4025,6	8098,37	8,59
	5	-	5	4	34	-4013	8139,67	4,12
NLNV	2	-	2	1	7	-3786,9	7597,36	4,25
	3	-	3	6	18	-3779,8	7620,21	2,85
NLV5	2	-	2	1	7	-3851	7725,54	6,89
	4	-	4	6	26	-3836,2	7759,75	4,13
Efeito materno								
NTLN	2	2	2	4	13	-4032,2	8108,12	7,7
	6	6	6	4	67	-4001,8	8228,21	0,001
NLNV	2	2	2	1	10	-3786,7	7606,99	6,44
	5	5	5	1	46	-3776,1	7706,66	7,23
NLV5	2	2	2	1	10	-3850,5	7734,63	8,43
	6	6	6	1	64	-3826,4	7867,42	0,001

NTLN - Número total de leitões nascidos; NLNV - Número de leitões nascidos vivos; NLV5 - Número de leitões vivos aos 5 dias; k_a - ordem do polinômio para o efeito genético; k_m - ordem do polinômio para o efeito genético materno; k_p - ordem do polinômio para o efeito de ambiente permanente; e e número de classes residuais consideradas

O BIC indicou que os modelos que consideraram a heterogeneidade de variância residual para os modelos (com e sem o ajuste do efeito materno) foram melhores para descrever o número total de leitões nascidos comparados aqueles que consideraram a variância do resíduo homogênea.

Os menores valores de BIC também indicaram que os modelos que consideraram a homogeneidade de variância residual foram melhores para descrever o número de leitões nascidos vivos e vivos aos cinco dias quando se considerou ou não o efeito materno. Portanto, adotou-se para descrever o número total de leitões nascidos o modelo que incluía o efeito materno com quatro classes de variância residual. Para descrever o número de leitões nascidos vivos e vivos aos cinco dias foram adotados os modelos sem efeito materno e com variância residual homogênea, ou seja, para quaisquer das três características estudadas foram escolhidos sempre modelos menos parametrizados.

Vários autores têm relatado benefícios de se considerar à heterogeneidade de variância residual nas análises de dados, por exemplo, em bovinos leiteiros (EL Faro e Albuquerque, 2003), bovinos de corte (Meyer, 2000; Toral *et al.*, 2009), ovinos e caprinos (Sarmiento *et al.*, 2007; Sousa *et al.*, 2008), suínos (Huisman *et al.*, 2002; Alves, 2007) e codornas (Bonafé, 2008), por possibilitar melhor partição da variação total. Entretanto,

quando se considera a heterogeneidade de variância nos modelos, ocorre aumento no número de parâmetros estimados no processo de maximização da função de verossimilhança.

Cavalcante-Neto *et al.* (2011), ao avaliarem modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual para descrever o tamanho da leitegada em fêmeas Dalland com sete ordens de parição, concluíram que o modelo que considerou a variância residual homogênea foi o mais indicado para a estrutura dos dados. O tamanho da leitegada ao nascer sofre influência, principalmente, da ordem de parição, efeito que encontrou-se ajustado nos modelos testados pelos autores e nos adotados no presente estudo, uma vez que as regressões, em ambos os casos, foram representadas por funções em relação à ordem de parto, cuja variância residual não foi expressiva ao longo das partições. Isso pode explicar o fato de o modelo com o resíduo homogêneo ter sido suficiente para modelar a variância residual para o número de leitões nascidos vivos e vivos aos cinco dias.

Observou-se que o coeficiente de regressão aleatória do intercepto (b_0) foi o que apresentou maior variância para os efeitos genéticos aditivos diretos em todos os modelos, assim, quanto maior o valor dessa variância do intercepto, maior será a inclinação na reta que descreve a sensibilidade das porcas à ordem de parição. No entanto, para os efeitos de ambiente permanente o coeficiente de regressão aleatória linear foi o que apresentou maiores variâncias (Tabela 9).

As correlações entre o intercepto e o coeficiente linear foram positivas e altas para todos os efeitos aleatórios, indicando que, quanto mais próxima for à correlação do efeito genético aditivo direto entre o intercepto e o coeficiente linear da unidade, menor o será o reordenamento dos animais nas diferentes partições (Su *et al.*, 2006). Os valores de 0,80 a 0,90 demonstraram que poucos animais da raça Large White tiveram sua posição alterada no decorrer das partições, portanto, os animais de maiores valores genéticos nas primeiras partições para as três características também apresentarão maiores valores genéticos nas últimas partições.

TABELA 9. Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória (b_0 e b_1) e os autovalores da matriz dos coeficientes

Efeito genético aditivo direto			Efeito de ambiente permanente				
NTLN ^a ($k_a = 2$)			NTLN ^a ($k_p = 2$)				
b_0	b_1	Autovalor (%)	b_0	b_1	Autovalor (%)		
b_0	6,748	0,901	99,38	b_0	0,143	0,908	97,21
b_1	1,135	0,235	0,62	b_1	0,268	0,608	2,79
NLNV ^b ($k_a = 2$)			NLNV ^b ($k_p = 2$)				
b_0	5,002	0,806	97,05	b_0	0,042	0,713	90,75
b_1	1,264	0,492	2,95	b_1	0,057	0,150	9,25

NLV5 ^c ($k_a = 2$)				NLV5 ^c ($k_p = 2$)			
b_0	4,475	0,785	96,33	b_0	0,259	0,932	96,82
b_1	1,185	0,510	3,67	b_1	0,316	0,444	3,18

NTLN^a – número total de leitões nascidos; NLNV^b – número de leitões nascidos vivos; NLV5^c – número de leitões vivos aos cinco dias; k_a – ordem polinomial para o efeito genético aditivo direto; k_p – ordem polinomial para o efeito de ambiente permanente

Os autovalores das funções de covariância genética mostraram que o intercepto (termo constante) explicou 99,38; 97,05 e 96,33% da variabilidade genética aditiva para NTLN, NLNV e NLV5, respectivamente. Assim, 0,62; 2,95 e 3,67% (NTLN, NLNV e NLV5) da variabilidade foram explicados pelas diferenças nas curvas genética individual das porcas. Esses autovalores também mostraram que o polinômio de Legendre linear com dois coeficientes de regressão (b_0 e b_1) foi suficiente para modelar quase toda variabilidade.

As estimativas de herdabilidade das variáveis analisadas (Tabela 10) foram menores na primeira ordem de parto em relação às demais. A mesma tendência foi observada para as estimativas de variâncias genética aditiva, fenotípica e residual, quando se considerou um modelo com heterogeneidade de variância residual.

TABELA 10. Estimativas das variâncias genética (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pem}^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), herdabilidade (h^2), obtidas por modelos de regressão aleatória para os modelos que melhor ajustaram-se aos dados para cada característica

Característica/Parição	Componentes de Variância						
	Modelo	$k_m = 2$	$k_a = 2$	$k_p = 2$	$e = 4$		
NTLN ^a		σ_m^2	σ_a^2	σ_{pem}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
1		0,03	1,76	0,52	8,83	11,13	0,16
2		0,11	2,32	0,12	11,14	13,7	0,17
3		0,25	2,99	0,02	12,51	15,77	0,19
4		0,44	3,78	0,2	12,51	16,93	0,23
5		0,68	4,68	0,68	12,14	18,18	0,27
6		0,97	5,69	1,45	12,14	20,25	0,3
Modelo		$k_a = 2$	$k_p = 2$	$e = 1$			
NLNV ^b		σ_a^2	σ_{pem}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2	
1		1,05	0,15	8,82	10,02	0,1	
2		1,45	0,04	8,82	10,32	0,14	
3		2,09	0,01	8,82	10,92	0,19	
4		2,97	0,05	8,82	11,84	0,25	
5		4,08	0,16	8,82	13,06	0,31	
6		5,43	0,34	8,82	14,59	0,37	

Modelo	$k_a = 2$	$k_p = 2$	$e = 1$		
NLV5 ^c	σ_a^2	σ_{pem}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
1	0,95	0,25	9,41	10,6	0,09
2	1,28	0,04	9,41	10,73	0,12
3	1,86	0,05	9,41	11,31	0,16
4	2,68	0,26	9,41	12,35	0,22
5	3,74	0,7	9,41	13,85	0,27
6	5,05	1,34	9,41	15,8	0,32

NTLN^a – Número total de leitões nascidos; NLNV^b – Número de leitões nascidos vivos; NLV5^c – Número de leitões vivos aos cinco dias; k_a – ordem do polinômio para o efeito genético; k_p - ordem do polinômio para o efeito de ambiente permanente; k_m - ordem do polinômio para o efeito genético materno; e e número de classes residuais consideradas

As estimativas de variância genética foram mais elevadas nas últimas partições, período em que o número de registros de leitegadas foi menor, o que pode gerar dificuldades no ajuste do modelo, resultando em estimativas mais elevadas neste período.

A herdabilidade, em geral, para todas as características avaliadas, aumentou de acordo com a ordem do parto, o que sugere a existência de diferentes bases genéticas que atuam no tamanho da leitegada ao longo da vida reprodutiva da porca (Barbosa *et al.*, 2008). Em análises unicaracterísticas e bicaracterísticas, Irgang *et al.* (1994) e Roehe e Kennedy (1995) também estimaram maiores herdabilidades para tamanho de leitegada nas últimas partições.

As correlações genéticas para número de leitões nascidos vivos e vivos aos cinco dias (Tabela 11) foram maiores entre partições adjacentes tanto para NLNV (0,965 a 0,998) quanto para NLV5 (0,956 a 0,997), e decresceram à medida que o intervalo entre as partições aumentou. Tendência similar as correlações genéticas foi observada para as correlações de ambiente permanente.

Hanenberg *et al.* (2001), também registraram maiores correlações entre as últimas partições, para número de leitões nascidos vivos em suínos Landrace com seis partições, por meio de análises multicaracterísticas e registraram aumento de 0,79 entre a primeira e a segunda para 0,96 entre a quinta e a sexta. No presente estudo, tanto a correlação genética estimada entre a primeira e segunda partição (0,965) quanto a estimada entre a quinta e a sexta partição (0,997) para número de leitões nascidos vivos foram maiores que as reportadas pelos autores.

Semelhante ao observado para as fêmeas Landrace, as correlações genéticas até a quarta partição para número de leitões nascidos vivos foram altas e positivas, ou seja, acima de 0,80, valor considerado por Robertson (1959) limiar da importância biológica e agrícola da característica. E sendo as partições altamente correlacionadas até a quarta partição, a seleção na primeira partição proporcionaria ganhos genéticos às demais em função da alta resposta correlacionada e em menor tempo.

TABELA 11. Estimativas de correlações de efeito genético aditivo direto (acima da diagonal) e de efeito de ambiente permanente (abaixo da diagonal) para número de leitões nascidos vivos e para número de leitões nascidos vivos (NLNV e NLV5) nas seis primeiras partições, obtidas por modelo de regressão aleatória

Partição\NLNV	Partição					
	1	2	3	4	5	6
1		0,965	0,901	0,837	0,783	0,738
2	0,971		0,983	0,951	0,918	0,889
3	0,185	0,416		0,992	0,975	0,958
4	-0,738	-0,554	0,526		0,996	0,987
5	-0,866	-0,720	0,330	0,976		0,998
6	-0,904	-0,775	0,252	0,955	0,997	
Partição\NLV5	1	2	3	4	5	6
1		0,956	0,873	0,792	0,725	0,672
2	0,905		0,978	0,937	0,896	0,86
3	-0,609	-0,214		0,989	0,969	0,948
4	-0,866	-0,572	0,924		0,995	0,984
5	-0,912	-0,651	0,881	0,995		0,997
6	-0,929	-0,684	0,859	0,990	0,999	

De acordo com Barbosa *et al.* (2008), a magnitude da correlação genética entre as partições é muito importante, pois permite definir o processo de avaliação ótimo a fim de que os programas de seleção possam melhorar o tamanho de leitegada em suínos e obter, conseqüentemente, maiores ganhos genéticos para essa característica de grande importância econômica na suinocultura.

Os resultados das médias e das variâncias das três características diferiram ao longo das partições, o que permite inferir que diferentes genes ou combinações de genes atuam em cada partição, em razão da maturação fisiológica das porcas (Noguera *et al.*, 2002). Contudo, as altas correlações genéticas sugerem que a maioria dos genes envolvidos na expressão do número de leitões nascidos vivos e vivos aos cinco dias nessas ordens de partições sejam os mesmos.

À semelhança dos resultados observados por Sarmiento *et al.* (2006) em ovinos Santa Inês, as estimativas obtidas no presente trabalho entre pares de partições para número de leitões nascidos vivos, também indicam que a maioria dos genes que atua na primeira partição da matriz atua nas demais e no mesmo sentido. Desta forma, infere-se que ganhos genéticos na primeira partição garantem ganhos genéticos nas partições posteriores. Assim, em programas de melhoramento genético de suínos pode-se reduzir o intervalo de geração e com a substituição de 100% de fêmeas por ano, com base no número de leitões nascidos vivos, mesmo que a acurácia dos valores genéticos diminua, obter maior ganho genético.

O número de leitões vivos aos cinco dias, período que considera a capacidade de criação da fêmea e sobrevivência dos leitões, tem apresentado alta correlação com o número de leitões desmamados (0,99) (Anrain, 2011), sendo apontado como alternativa à seleção tradicional para prolificidade. Contudo, as correlações de rank (posto) entre os valores genéticos do número de leitões nascidos vivos e número de leitões vivos aos cinco dias, na primeira e segunda parição, foram próximas da unidade (0,99 e 0,98 respectivamente). Isto sugere que o registro do número de leitões vivos aos cinco dias poderia ser dispensado, uma vez que grande parte dos genes envolvidos na expressão do número de leitões vivos e vivos aos cinco dias na primeira e na segunda parição são os mesmos.

Com base nos valores genéticos para número de leitões nascidos vivos ao longo das seis primeiras partições foi realizada a seleção das 50 melhores matrizes Large White e traçadas as trajetórias genéticas entre a primeira e a sexta parição (Figura 2).

Os valores genéticos dos animais Large White (Figura 2) foram maiores do que os da raça Landrace (Figura 1), diferenças estas relacionadas às maiores variâncias genética apresentadas pelos animais Large White (Tabela 10). De modo geral, a interação entre valores genéticos e ordem de parição foi menor para as fêmeas Large White. Observou-se que quase não houve reordenamento dos animais quanto aos valores genéticos no decorrer das partições, diferenciando-se das porcas Landrace. Percebeu-se que a maioria dos animais que foram melhores a primeira parição também foram os melhores na última parição.

Portanto, as matrizes Large White apresentaram-se com maiores valores genéticos para número de leitões nascidos vivos do que matrizes Landrace, resultado das diferenças genéticas entre as duas raças.

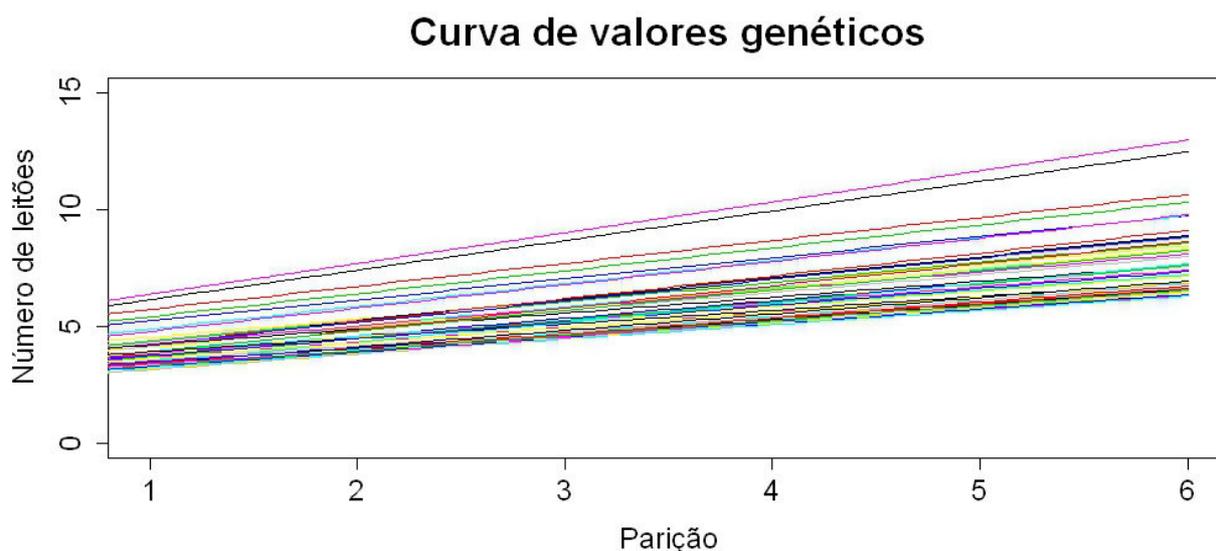


FIGURA 2. Trajetória dos valores genéticos para número de leitões nascidos vivos em função da ordem de parição das 50 melhores porcas Large White.

As correlações de posto (rank correlation) entre valores genéticos do número de leitões nascidos vivos e vivos aos cinco dias de idade, estimadas a primeira e segunda parição foram 0,99 e 0,99 para Landrace e 0,99 e 0,98 para Large White, e demonstrou que não há necessidade do controle do número de leitões vivos aos cinco dias de idade para esses rebanhos.

CONCLUSÕES

Os efeitos da heterogeneidade e da homogeneidade da variância residual devem ser testados na modelagem das características de tamanho da leitegada em suínos.

As altas correlações de posto entre os valores genéticos, preditos por meio de regressão aleatória, indicam que o tamanho da leitegada ao nascer é tão eficiente quanto o tamanho da leitegada aos cinco dias de idade, podendo-se dispensar o controle zootécnico do último em programas de melhoramento genético de suínos destas populações (Landrace e Large White).

Maiores ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção no tamanho da leitegada ao nascer de fêmeas primíparas, em função da diminuição do intervalo de gerações e não da redução na acurácia dos valores genéticos.

REFERÊNCIAS

ABCS – Associação Brasileira de Criadores de Suínos. Manual Brasileiro de Boas Práticas Agropecuárias na Produção de Suínos. Brasília: MAPA; Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, 2011. 140p.

ABIPECS - Associação Brasileira da Indústria Produtora e Exportadora de Carne Suína. Produção mundial de carne suína, 2011. Disponível em: <<http://www.abipecs.org.br/pt/estatisticas/mundial/producao-2.html>>. Acessado em: em 23 abr. 2012.

ABIPECS - Associação Brasileira da Indústria Produtora e Exportadora de Carne Suína. Relatório Anual 2011. Disponível em: <http://www.abipecs.org.br/uploads/relatorios/relatoriosassociados/ABIPECS_relatorio_2011_pt.pdf> Acessado em: 09 ago. 2012.

ABRAMOWITIZ, M.; STEGUN, I. A. Handbook of mathematical functions with formulas, graphs, and mathematical functions. New York: Dover, 1965. 1046p.

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.*, v.79, n.11, p.2776-2789, 2001.

ALVES, D.N.M. *Modelos para avaliação genética do tamanho de leitegada em suínos*. 2007. 51f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

ANRAIN, M. *Parâmetros genéticos para número de leitões vivos ao quinto dia nas raças Landrace e Large White*. 2011. 73f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG.

ASSIS, G.M.L. de; de ALBUQUERQUE, L.G., SARMENTO, J.L.R. *et al.* Estimção de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros por meio de análise de regressão aleatória utilizando-se a Amostragem de Gibbs. *Rev. Bras. Zootec.*, v.35, n.3, p.706-714, 2006.

AVALOS, E.; SMITH, C. Genetic improvement of litter size in pigs. *Anim. Prod.*, v.44,p.153, 1987.

BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; *et al.* Estimção de parâmetros genéticos em tamanho de leitegada de suínos utilizando análises de características múltiplas. *Rev. Bras. Zootec.*, v.37, n.11, p.1947-1952, 2008.

BOHMANOVA, J.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth. *J. Anim. Sci.*, v.83, n.1, p.62-67, 2005.

BONAFÉ, C.M. *Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória*. 2008. 58f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2008.

CAVALCANTE-NETO, A.; THOLON, P.; LUI, J.F.; *et al.* Modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual para descrever o tamanho da leitegada. *Rev. Ciênc. Agro.*, v.42, n.4, p.1043-1050, 2011.

COSTA, A.R.C. da; LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; *et al.* Estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho de duínos das raças Large White, Landrace e Duroc. *Rev. Bras. Zootec.*, v.30, n.1, p.49-55, 2001

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. de, TONHATI, H.; *et al.* Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. *Rev. Bras. Zootec.*, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

DIONELLO, N.J.L.; da SILVA, C.A.S.; COSTA, C.N.; *et al.* Estimação de parâmetros genéticos utilizando-se a produção de leite no dia do controle em primeiras lactações de vacas da raça Jersey. *Rev. Bras. Zootec.*, v.35, n.4, p.1646-1652, 2006.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. *Rev. Bras. Zootec.*, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Anuário Estatístico – Suinocultura. Central de Inteligência da Embrapa Suínos e Aves. Documentos 146. Concórdia-SC: 2011. 32p.

FAO - Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação: O mega portal da suinocultura brasileira. Disponível em: <www.porkworld.com.br>. Acessado em: 20 out. 2012.

FÁVERO, J.A.; de FIGUEIREDO, E.A.P. Evolução do melhoramento genético de suínos no Brasil. *Rev. Ceres*, v. 56, n.4, p. 420-427, 2009.

FERNADEZ, A.; RODRIGÁÑEZ, J.; ZUZÚARREGUI, J.; RODRIGUEZ, M.C. Genetic parameters for litter size and weight at different parities in Iberian pigs. *Spanish J. Agric. Res.*, v.6 (Special issue), p.98-106, 2008.

FERRAZ, J.B.S.; DUARTE, F.A. de M. Parâmetros genéticos de características ligadas à produtividade de porcas Large White. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.26, n.8, p.1255-1265, 1991.

FERRAZ, J.B.S.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations of large white and Landrace swine. *J. Anim. Sci.*, v.71, n.4, p.850-858, 1993

GRESSLER, S.L.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, C.S.; *et al.* Estudo das associações genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas nelore. *Rev. Bras. Zootec.*, v.29, n.2, p.427-437, 2000.

HANENBERG, E.H.A.T.; KNOL, E.F.; MERKS, J.W.M. Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in dutch Landrace pigs. *Livest. Prod. Sci.*, v.69, n.2, p.179-186, 2001.

HOLANDA, M.C.R.; BARBOSA, S.B.P.; SAMPAIO, I.B.M.; *et al.* Tamanho da leitegada e pesos médios, ao nascer e aos 21 dias de idade, de leitões da raça Large White. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, n.4, p.539-544, 2005.

HUISMAN, A.E.; VEERKAMP, R.F.; VAN ARENDONK, J.A.M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. *J. Anim. Sci.*, v.80, n.3, p.575-582, 2002.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics*, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

IRGANG, R. Estimativas de herdabilidade para características que compõem a produtividade anual de leitões por porca. CT / 81 /EMBRAPA–CNPSA, 1985. p. 1-2

IRGANG, R.; FAVERO, J.A.; KENNEDY B.W. Genetic parameters for litter size of different parities in Duroc, Landrace, and Large White sows. *J. Anim. Sci.*, v.72, n.9, p.2237- 2246, 1994.

IRGANG, R. Limites Fisiológicos do Melhoramento Genético de Suínos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35, 1998, Botucatu-SP. *Simpósios*, Botucatu, 1998. p. 355–369.

LIMA, K.R.S.; PEDREIRA, H.A.; JESUS, M.L.C.; *et al.* Estudo do comportamento de porcas primíparas e multíparas na fase reprodutiva. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 17, 2007, Londrina-PR. *Congresso*, Londrina, 2007.

LOPES, P.S. Melhoramento Genético de Suínos, 2004. Disponível em: <<http://www.ufersa.edu.br>>. Acessado em: 20 jul. 2011.

LUKOVIC, Z.; MALOVRH, S.; GORJANC, G.; *et al.* Genetic parameters for number of piglets born alive using a random regression model. *Agric. Conspec. Sci.*, v.68, n.2, p.105-108, 2003.

LUKOVIC, Z.; MALOVRH, S.; GORJANC, G.; *et al.* A random regression model in analysis of litter size in pigs. *South African J. Anim. Sci.*, v.34, n.4, p.241-248, 2004.

LUKOVIC, Z.; UREMOVIC, M.; KONJACIC, M.; *et al.* Genetic parameters for litter size in pigs using a random regression model. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, v.20, n.2, p.160-165, 2007.

MATOS, C.A.P.; THOMAS, D.L.; GIANOLA, D. *et al.* Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: II. Goodness of fit and predictive ability. *J. Anim. Sci.* v.75, n.1, p.88-94, 1997.

MERCADANTE, M.E.Z.; PACKER, I.U.; RAZOOK, A.G.; *et al.* Dias ao Parto de Fêmeas Nelore de um Experimento de Seleção para Crescimento. II - Modelo de Regressão Aleatória. *Rev. Bras. Zootec.*, v.31, n.4, p.1726-1733, 2002.

MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or “repeated” records by restricted maximum likelihood. *Livest. Prod. Sci.*, v.47, n.3, p.185-200, 1997.

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. *Livest. Prod. Sci.*, v.65, n.1-2, p.19-38, 2000.

MEYER, K.. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livest. Prod. Sci.*, v. 86, n.1-3, p. 69-83, 2004.

MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genet. Sel. Evol.*, v.37, n.5, p.473-500, 2005.

MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ.-SCI. B*, v.8, n.11, p.815-821, 2007.

MIELE, M.; WAQUIL, P.D. Estrutura e dinâmica dos contratos na suinocultura de Santa Catarina: um estudo de casos múltiplos. *Estud. Econ.*, São Paulo, v.37, n.4, p.817-847, 2007.

MILLS, J.A.; PRASAD, K.A. Comparison of model selection criteria, *Economet. Rev.*, v.11, n.2, p.201-233, 1992

MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. *J. Anim. Breed. Genet.*, v.123, n.2, p.74-80, 2006.

MRODE, R.A. Linear models for the prediction of animal breeding values. 2.ed. Wallingford: CABI Publishing, 2005. 344p.

NOBRE, P.R.C.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by bayesian method via Gibbs sampling. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.55, n.4, p.480-490, 2003a.

NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.*, v.81, n.4, p.918-926, 2003b.

NOGUERA, J.L.; VARONA, L.; BABOT, D. et al. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. *J. Anim. Sci.*, v.80, n.10, p.2540-2547, 2002.

OLORI, V.E.; HILL, W.G.; MCGUIRK, B.J. et al. Estimating variance components for test day milk records by Restricted Maximum Likelihood with a random regression Animal Model. *Livest. Prod. Sci.*, v.61, n.1, p.53-63, 1999.

PANZARDI, A.; MARQUES, B.M.F.P.P.; HEIM, G.; et al. Fatores que influenciam o peso do leitão ao nascimento. *Acta Sci. Vet.*, v.37, n.1, p. 49-60, 2009.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; STERMAN, J.B.F. Correlação Genética Entre Perímetro Escrotal e Algumas Características Reprodutivas na Raça Nelore. *Rev. Bras. Zootec.*, v.29, n.6, p.1676-1683, 2000.

PIRES, A.V.; LOPES, P.S.; TORRES, R. de A.; et al. Tendências genéticas dos efeitos genéticos direto e materno em características reprodutivas de suínos. *Rev. Bras. Zootec.*, v.29, n.6, p.1689-1697, 2000a.

POLEZE, E. *Caracterização do intervalo desmame-estro e efeito de sua variação no desempenho reprodutivo de fêmeas suínas*. 2004. 66f. Dissertação (Mestrado em Ciências Veterinárias) - Faculdade de Ciências Veterinárias, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS.

RESENDE, M.D.V. de; REZENDE, G.D.S.P.; FERNANDES, J.S.C. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. *Rev. Matem. Estat.*, v.19, p.21-40, 2001.

ROBERTSON, A. The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. *Biomet.*, v.15, n.3, p.469-485, 1959.

ROEHE, R.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic parameters for litter size in canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. *J. Anim. Sci.*, v.73, n.10, p.2959-2970, 1995.

ROHENKOHL, J.E. Dinâmica tecnológica e ambiente seletivo em genética de suínos. *Rev. Bras. Inov.*, v.2, n.8, p.403-435, 2009.

ROTHSCHILD, M.F. (2 Eds). The genetics of the pig. Cambridge: CAB International, University Press, 2011. 262 p. Disponível em: <http://books.google.com.br/books?hl=pt-BR&lr=&id=hde0Q1QAaEYC&oi=fnd&pg=PR5&dq=Biology+and+genetics+of+reproduction+The+genetics+of+the+pig&ots=9N4aOYEzpo&sig=g1OE8760uDOqY0Fd43kDd34yK7U#v=onepage&q&f=true>. Acessado em: 15 jan. 2012.

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. *et al.* Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. *Rev. Bras. Zootec.*, v.32, n.4, p.864-874, 2003.

SANTINI, G.A.; SOUZA FILHO, H.M. Mudanças tecnológicas em cadeias agroindustriais: uma análise dos elos de processamento da pecuária de corte, avicultura de corte e suinocultura. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ECONOMIA E SOCIOLOGIA RURAL, 42., 2004, Cuiabá. *Anais...* Cuiabá: SOBER, 2004. p. 1-12.

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H.; *et al.* Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.58, n.4, p.581-589, 2006.

SARMENTO, J.L.R. *Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês*. 2007. 101f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models in animal breeding. *Livest. Prod. Sci.*, v.86, n.1-3, p.35-45, 2004.

SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; JAMROZIK, J.; WILTON, J.W. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. *J Anim. Sci.*, v.80, n.5, p.1497-1507, 2002

SILVA, M. de A.; THIÉBAUT, J.T.L.; VALENTE, B.D. Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2008, 378p.

SOUSA, J.E.R., SILVA, M.A., SARMENTO, J.L.R. *et al.* Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória sobre o crescimento de caprinos Anglo-Nubianos. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.43, n.12, p.1725-1732, 2008.

SU, G.; MADSEN P.; LUND M.S. *et al.* Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. *J. Anim. Sci.*, v.84, n.7, p.1651-1657, 2006.

SU, G.; LUND, M. S.; SORENSEN, D. Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. *J. Anim. Sci.*, v.85, n.6, p.1385-1392, 2007.

TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Estruturas de variância residual para a estimação de funções de covariâncias para o peso de bovinos da raça Canchim. *Rev. Bras. Zootec.*, v.38, n.11, 2009.

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

WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. *Commun. Stat. Simulat.*, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

APÊNDICE A – Modelos de regressão aleatória utilizando polinômios de Legendre com diferentes ordens

TABELA 1. Modelo quanto à variância residual; ordem do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente (Op); número de parâmetros (Np); logaritmo de verossimilhança (Log L); valores do teste da razão de verossimilhança (LRT) e critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC), para os modelos ajustados em animais Landrace, para o número total de leitões nascidos

Modelo quanto à variância residual		Op	NP	Log L	BIC	LRT
Sem efeito materno	HOM ^a	2	7	-3928,03	7879,70	4,78
		3	13	-3923,25	7890,38	5,20
		4	21	-3918,05	7906,95	3,20
		5	31	-3914,85	7934,24	2,38
		6	43	-3912,47	7969,85	0,00
		CL ^b 2	2	8	-3928,03	7883,07
		3	14	-3923,20	7893,65	5,18
		4	22	-3918,02	7910,26	3,36
		5	32	-3914,65	7937,22	2,19
		6	44	-3912,47	7973,21	0,00
	CL ^b 3	2	9	-3927,29	7884,97	5,33
		3	15	-3921,96	7894,56	4,58
		4	23	-3917,38	7912,36	2,83
		5	33	-3914,55	7940,37	2,08
		6	45	-3912,47	7976,57	0,00
	CL ^b 4	2	10	-3926,09	7885,95	5,12
		3	16	-3920,97	7895,94	4,39
		4	24	-3916,58	7914,13	2,10
		5	34	-3914,48	7943,60	2,01
		6	46	-3912,47	7979,93	0,00
	CL ^b 5	2	11	-3925,80	7888,73	5,35
		3	17	-3920,45	7898,27	4,68
		4	25	-3915,77	7915,87	2,20
		5	35	-3913,57	7945,14	1,10
	6	47	-3912,47	7983,30	0,00	
CL ^b 6	2	12	-3925,08	7890,66	4,66	
	3	18	-3920,42	7901,59	5,45	
	4	26	-3914,97	7917,64	2,21	

		5	36	-3912,75	7946,88	0,29
		6	48	-3912,47	7986,66	0,00
		2	10	-3927,10	7887,97	6,86
		3	19	-3920,25	7904,613	5,78
	HOM ^a	4	31	-3914,47	7933,473	3,45
		5	46	-3911,02	7977,039	7,27
		6	64	-3903,75	8022,935	0,00
		2	11	-3927,10	7891,344	6,94
		3	20	-3920,16	7907,816	5,73
	CL ^b 2	4	32	-3914,44	7936,786	3,54
		5	47	-3910,90	7980,166	7,15
		6	65	-3903,75	8026,289	0,00
		2	12	-3926,44	7893,39	7,69
		3	21	-3918,75	7908,366	5,14
	CL ^b 3	4	33	-3913,62	7938,51	3,13
		5	48	-3910,49	7982,706	6,74
		6	66	-3903,75	8029,643	0,00
Efeito materno		2	13	-3925,34	7894,566	7,54
		3	22	-3917,80	7909,832	4,94
	CL ^b 4	4	34	-3912,86	7940,357	2,74
		5	49	-3910,12	7985,324	6,37
		6	67	-3903,75	8032,996	0,00
		2	14	-3925,01	7897,281	7,77
		3	23	-3917,24	7912,084	5,21
	CL ^b 5	4	35	-3912,03	7942,071	2,80
		5	50	-3909,23	7986,908	5,49
		6	68	-3903,75	8036,349	0,00
		2	15	-3924,29	7899,205	7,05
		3	24	-3917,24	7915,448	5,99
	CL ^b 6	4	36	-3911,25	7943,874	2,88
		5	51	-3908,37	7988,542	4,62
		6	69	-3903,75	8039,702	0,00

HOM^a – homogeneidade de variância residual; CL^b – número de classes de variância residual

TABELA 2. Modelo quanto à variância residual; ordem do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente (Op); número de parâmetros (Np); logaritmo de verossimilhança (Log L); valores do teste da razão de verossimilhança (LRT) e critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC), para os modelos ajustados em animais Landrace, para o número de leitões nascidos vivos

Modelo quanto à variância residual		Op	Np	LogL	BIC	LRT
Sem efeito materno	HOM ^a	2	7	-3889,12	7801,89	4,79
		3	13	-3884,33	7812,54	5,06
		4	21	-3879,27	7829,39	5,76
		5	31	-3873,51	7851,56	7,46
		6	43	-3866,05	7877,01	0,00
	CL ^b 2	2	8	-3889,05	7805,11	4,72
		3	14	-3884,33	7815,91	5,06
		4	22	-3879,27	7832,76	5,83
		5	32	-3873,44	7854,79	7,39
		6	44	-3866,05	7880,37	0,00
	CL ^b 3	2	9	-3887,98	7806,35	5,43
		3	15	-3882,55	7815,73	6,08
		4	23	-3876,48	7830,55	6,84
		5	33	-3869,63	7850,54	3,59
		6	45	-3866,05	7883,73	0,00
	CL ^b 4	2	10	-3883,82	7801,39	3,01
		3	16	-3880,80	7815,61	6,35
		4	24	-3874,46	7829,88	5,85
		5	34	-3868,60	7851,85	2,56
		6	46	-3866,05	7887,09	0,00
	CL ^b 5	2	11	-3882,79	7802,72	3,12
		3	17	-3879,68	7816,73	6,01
		4	25	-3873,67	7831,67	6,48
		5	35	-3867,19	7852,38	1,14
6		47	-3866,05	7890,45	0,00	
CL ^b 6	2	12	-3881,95	7804,40	2,51	
	3	18	-3879,43	7819,61	5,79	
	4	26	-3873,64	7834,99	6,64	
	5	36	-3867,00	7855,36	0,95	
	6	48	-3866,05	7893,81	0,00	
Efeito materno	HOM ^a	2	10	-3761,86	7557,49	4,47
		3	19	-3757,40	7578,91	7,73
		4	31	-3749,67	7603,88	7,08

	5	46	-3742,59	7640,17	5,90
	6	64	-3736,69	7688,81	0,01
CL ^b 2	2	11	-3761,47	7560,07	4,14
	3	20	-3757,33	7582,14	7,76
	4	32	-3749,57	7607,04	7,51
	5	47	-3742,05	7642,47	5,38
	6	65	-3736,68	7692,15	0,01
	CL ^b 3	2	12	-3761,62	7563,74
3		21	-3756,09	7583,04	8,14
4		33	-3747,95	7607,18	7,30
5		48	-3740,65	7643,01	3,98
6		66	-3736,67	7695,49	0,00
CL ^b 4		2	13	-3759,29	7562,45
	3	22	-3755,12	7584,46	8,42
	4	34	-3746,69	7608,03	6,15
	5	49	-3740,55	7646,17	3,88
	6	67	-3736,67	7698,84	0,00
	CL ^b 5	2	14	-3757,51	7562,27
3		23	-3753,41	7584,42	8,01
4		35	-3745,40	7608,80	6,70
5		50	-3738,70	7645,83	2,03
6		68	-3736,67	7702,19	0,00
CL ^b 6		2	15	-3756,12	7562,86
	3	24	-3753,27	7587,50	7,87
	4	36	-3745,39	7612,16	7,24
	5	51	-3738,15	7648,10	1,48
	6	69	-3736,67	7705,55	0,00

HOM^a – homogeneidade de variância residual; CL^b – número de classes de variância residual

TABELA 3. Modelo quanto à variância residual; ordem do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente (Op); número de parâmetros (Np); logaritmo de verossimilhança (Log L); valores do teste da razão de verossimilhança (LRT) e critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC), para os modelos ajustados em animais Landrace, para o número de leitões vivos aos cinco dias

Modelo quanto a variância residual		Op	NP	LogL	BIC	LRT
Sem efeito materno	HOM ^a	2	7	-3888,85	7801,35	3,56
		3	13	-3885,29	7814,47	9,10

		4	21	-3876,19	7823,25	6,08
		5	31	-3870,11	7844,77	7,34
		6	43	-3862,77	7870,46	0,00
		2	8	-3888,71	7804,43	3,43
	CL ^b 2	3	14	-3885,28	7817,81	9,09
		4	22	-3876,19	7826,60	6,23
		5	32	-3869,96	7847,82	7,18
		6	44	-3862,77	7873,82	0,00
		2	9	-3887,91	7806,21	4,45
	CL ^b 3	3	15	-3883,46	7817,54	10,01
		4	23	-3873,44	7824,49	6,85
		5	33	-3866,59	7844,46	3,82
		6	45	-3862,77	7877,19	0,00
		2	10	-3883,82	7801,39	2,55
	CL ^b 4	3	16	-3881,27	7816,53	10,18
		4	24	-3871,09	7823,14	5,50
		5	34	-3865,59	7845,82	2,81
		6	46	-3862,77	7880,55	0,00
		2	11	-3882,79	7802,72	3,51
	CL ^b 5	3	17	-3879,28	7815,94	9,46
		4	25	-3869,82	7823,98	6,14
		5	35	-3863,68	7845,37	0,91
		6	47	-3862,77	7883,91	0,00
		2	12	-3881,95	7804,40	2,91
	CL ^b 6	3	18	-3879,03	7818,81	9,24
		4	26	-3869,79	7827,29	6,31
		5	36	-3863,49	7848,34	0,71
		6	48	-3862,77	7887,27	0,00
		2	10	-3886,01	7805,77	3,92
	HOM ^a	3	19	-3882,09	7828,30	15,58
		5	46	-3866,51	7888,02	9,52
		6	64	-3856,98	7929,41	0,00
		2	11	-3885,88	7808,89	3,79
	CL ^b 2	3	20	-3882,09	7831,66	10,00
		4	32	-3872,08	7852,07	6,41
		5	47	-3865,68	7889,71	8,69
		6	65	-3856,98	7932,76	0,00
		2	12	-3884,96	7810,43	4,82
	CL ^b 3	3	21	-3880,15	7831,15	10,76
		4	33	-3869,38	7850,04	6,88
		5	48	-3862,50	7886,73	5,52

Efeito materno

	6	66	-3856,98	7936,11	0,00
CL ^b 4	2	13	-3880,66	7805,20	2,51
	3	22	-3878,15	7830,52	11,01
	4	34	-3867,14	7848,92	5,68
	5	49	-3861,46	7888,00	4,48
	6	67	-3856,98	7939,47	0,00
CL ^b 5	2	14	-3878,60	7804,46	2,59
	3	23	-3876,02	7829,63	10,06
	4	35	-3865,96	7849,92	6,56
	5	50	-3859,39	7887,23	2,41
	6	68	-3856,98	7942,82	0,00
CL ^b 6	2	15	-3877,83	7806,29	2,01
	3	24	-3875,82	7832,60	10,01
	4	36	-3865,81	7852,99	6,61
	5	51	-3859,20	7890,19	2,21
	6	69	-3856,98	7946,17	0,00

HOM^a – homogeneidade de variância residual; CL^b – número de classes de variância residual

TABELA 4. Modelo quanto à variância residual; ordem do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente (Op); número de parâmetros (Np); logaritmo de verossimilhança (Log L); valores do teste da razão de verossimilhança (LRT) e critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC), para os modelos ajustados em animais Large White, para o número total de leitões nascidos

Modelo quanto a variância residual		Op	NP	LogL	BIC	LRT
HOM ^a		2	7	-4038,76	8101,08	9,51
		3	13	-4029,26	8102,25	7,96
		4	21	-4021,30	8113,21	1,35
		5	31	-4019,95	8144,08	11,05
		6	43	-4008,90	8162,22	0,00
Sem efeito materno	CL ^b 2	2	8	-4036,07	8099,05	10,43
		3	14	-4025,64	8098,37	8,59
		4	22	-4017,05	8108,06	-3567,13
		5	32	-7584,18	15275,88	3575,27
		6	44	-4008,90	8165,57	0,00
	CL ^b 3	2	9	-4035,18	8100,64	8,47
		3	15	-4026,71	8103,87	9,76
		4	23	-4016,95	8111,22	2,56

		5	33	-4014,39	8139,67	5,49
		6	45	-4008,90	8168,92	0,00
		2	10	-4032,59	8098,82	6,64
		3	16	-4025,95	8105,72	9,91
	CL ^b 4	4	24	-4016,04	8112,76	3,01
		5	34	-4013,03	8139,67	4,12
		6	46	-4008,90	8172,26	0,00
		2	11	-4032,23	8101,47	7,43
		3	17	-4024,80	8106,78	10,07
	CL ^b 5	4	25	-4014,73	8113,50	2,81
		5	35	-4011,92	8141,44	3,02
		6	47	-4008,90	8175,61	0,00
		2	12	-4032,21	8104,80	7,42
		3	18	-4024,80	8110,13	10,37
	CL ^b 6	4	26	-4014,43	8116,25	2,67
		5	36	-4011,75	8144,45	2,85
		6	48	-4008,90	8178,96	0,00
		2	10	-4038,42	8110,48	10,93
		3	19	-4027,48	8118,85	7,80
	HOM ^a	4	31	-4019,68	8143,54	2,45
		5	46	-4017,24	8188,93	15,48
		6	64	-4001,75	8218,18	0,00
		2	11	-4035,61	8108,22	11,32
		3	20	-4024,29	8115,83	8,20
	CL ^b 2	4	32	-4016,09	8139,71	2,24
		5	47	-4013,85	8185,51	12,10
		6	65	-4001,75	8221,53	0,00
		2	12	-4034,66	8109,70	9,49
		3	21	-4025,17	8120,95	9,53
	CL ^b 3	4	33	-4015,64	8142,16	3,60
		5	48	-4012,03	8185,22	10,28
		6	66	-4001,75	8224,87	0,00
		2	13	-4032,20	8108,12	7,70
		3	22	-4024,49	8122,96	9,55
	CL ^b 4	4	34	-4014,94	8144,12	4,41
		5	49	-4010,53	8185,57	8,78
		6	67	-4001,75	8228,21	0,00
		2	14	-4031,86	8110,81	8,46
		3	23	-4023,40	8124,12	9,66
	CL ^b 5	4	35	-4013,73	8145,06	4,21
		5	50	-4009,53	8186,90	7,77

	6	68	-4001,75	8231,55	0,00
	2	15	-4031,85	8114,16	8,75
	3	24	-4023,10	8126,89	10,84
CL ^b 6	4	36	-4012,26	8145,47	5,05
	5	51	-4007,21	8185,62	5,46
	6	69	-4001,75	8234,89	0,00

HOM^a – homogeneidade de variância residual; CL^b – número de classes de variância residual

TABELA 5. Modelo quanto à variância residual; ordem do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente (Op); número de parâmetros (Np); logaritmo de verossimilhança (Log L); valores do teste da razão de verossimilhança (LRT) e critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC), para os modelos ajustados em animais Large White, para o número de leitões nascidos vivos

Modelo quanto à variância residual		Op	NP	LogL	BIC	LRT
HOM ^a		2	7	-3786,90	7597,36	4,25
		3	13	-3782,65	7609,03	2,16
		4	21	-3780,49	7631,60	2,10
		5	31	-3778,39	7660,96	2,08
		6	43	-3776,32	7697,04	0,00
	CL ^b 2		2	8	-3786,34	7599,59
		3	14	-3781,03	7609,15	1,94
		4	22	-3779,09	7632,14	1,98
		5	32	-3777,11	7661,75	0,80
		6	44	-3776,32	7700,39	0,00
Sem efeito materno		CL ^b 3	2	9	-3786,42	7603,11
	3		15	-3781,80	7614,06	1,84
	4		23	-3779,96	7637,25	2,10
	5		33	-3777,86	7666,60	1,54
	6		45	-3776,32	7703,74	0,00
	CL ^b 4		2	10	-3785,98	7605,60
3		16	-3781,67	7617,16	1,73	
4		24	-3779,95	7640,58	2,10	
5		34	-3777,84	7669,93	1,53	
6		46	-3776,32	7707,09	0,00	
CL ^b 5		2	11	-3785,48	7607,97	5,68
	3	17	-3779,80	7616,78	0,95	
	4	25	-3778,86	7641,76	2,21	

		5	35	-3776,65	7670,89	0,33
		6	47	-3776,32	7710,44	0,00
		2	12	-3784,94	7610,26	5,11
		3	18	-3779,84	7620,20	2,85
	CL ^b 6	4	26	-3776,98	7641,36	1,51
		5	36	-3775,48	7671,90	-0,84
		6	48	-3776,32	7713,79	0,00
		2	10	-3786,67	7606,99	6,44
		3	19	-3780,23	7624,36	1,92
	HOM ^a	4	31	-3778,31	7660,81	2,21
		5	46	-3776,10	7706,66	7,23
		6	64	-3768,88	7752,43	0,01
		2	11	-3786,11	7609,23	6,50
		3	20	-3779,61	7626,48	2,34
	CL ^b 2	4	32	-3777,28	7662,08	2,11
		5	47	-3775,17	7708,14	6,30
		6	65	-3768,87	7755,76	0,00
		2	12	-3786,21	7612,79	6,13
		3	21	-3780,08	7630,78	2,25
	CL ^b 3	4	33	-3777,84	7666,56	2,44
		5	48	-3775,40	7711,95	6,53
		6	66	-3768,87	7759,10	0,00
Efeito materno		2	13	-3785,80	7615,33	5,88
		3	22	-3779,92	7633,80	2,10
	CL ^b 4	4	34	-3777,82	7669,87	2,43
		5	49	-3775,38	7715,26	6,51
		6	67	-3768,87	7762,44	0,00
		2	14	-3785,33	7617,75	6,13
		3	23	-3779,20	7635,73	2,34
	CL ^b 5	4	35	-3776,86	7671,31	2,51
		5	50	-3774,35	7716,55	5,48
		6	68	-3768,87	7765,78	0,00
		2	15	-3784,78	7620,01	7,42
		3	24	-3777,36	7635,40	3,22
	CL ^b 6	4	36	-3774,14	7669,22	2,41
		5	51	-3771,73	7714,65	2,86
		6	69	-3768,87	7769,12	0,00

HOM^a – homogeneidade de variância residual; CL^b – número de classes de variância residual

TABELA 6. Modelo quanto à variância residual; ordem do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente (Op); número de parâmetros (Np); logaritmo de verossimilhança (Log L); valores do teste da razão de verossimilhança (LRT) e critério de informação bayesiano de Schwartz (BIC), para os modelos ajustados em animais Large White, para o número de leitões vivos aos cinco dias

Modelo quanto à variância residual		Op	NP	LogL	BIC	LRT
Sem efeito materno	HOM ^a	2	7	-4038,76	8101,08	9,51
		3	13	-4029,26	8102,25	7,96
		4	21	-4021,30	8113,21	1,35
		5	31	-4019,95	8144,08	11,05
		6	43	-4008,90	8162,22	0,00
		CL ^b 2	2	8	-4036,07	8099,05
		3	14	-4025,64	8098,37	8,59
		4	22	-4017,05	8108,06	-3567,13
		5	32	-7584,18	15275,88	3575,27
		6	44	-4008,90	8165,57	0,00
	CL ^b 3	2	9	-4035,18	8100,64	8,47
		3	15	-4026,71	8103,87	9,76
		4	23	-4016,95	8111,22	2,56
		5	33	-4014,39	8139,67	5,49
		6	45	-4008,90	8168,92	0,00
	CL ^b 4	2	10	-4032,59	8098,82	6,64
		3	16	-4025,95	8105,72	9,91
		4	24	-4016,04	8112,76	3,01
		5	34	-4013,03	8139,67	4,12
		6	46	-4008,90	8172,26	0,00
	CL ^b 5	2	11	-4032,23	8101,47	7,43
		3	17	-4024,80	8106,78	10,07
		4	25	-4014,73	8113,50	2,81
		5	35	-4011,92	8141,44	3,02
	6	47	-4008,90	8175,61	0,00	
CL ^b 6	2	12	-4032,21	8104,80	7,42	
	3	18	-4024,80	8110,13	10,37	
	4	26	-4014,43	8116,25	2,67	
	5	36	-4011,75	8144,45	2,85	
	6	48	-4008,90	8178,96	0,00	
Efeito materno	HOM ^a	2	10	-4038,42	8110,48	10,93
		3	19	-4027,48	8118,85	7,80
		4	31	-4019,68	8143,54	2,45

	5	46	-4017,24	8188,93	15,48
	6	64	-4001,75	8218,18	0,00
CL ^b 2	2	11	-4035,61	8108,22	11,32
	3	20	-4024,29	8115,83	8,20
	4	32	-4016,09	8139,71	2,24
	5	47	-4013,85	8185,51	12,10
	6	65	-4001,75	8221,53	0,00
	CL ^b 3	2	12	-4034,66	8109,70
3		21	-4025,17	8120,95	9,53
4		33	-4015,64	8142,16	3,60
5		48	-4012,03	8185,22	10,28
6		66	-4001,75	8224,87	0,00
CL ^b 4		2	13	-4032,20	8108,12
	3	22	-4024,49	8122,96	9,55
	4	34	-4014,94	8144,12	4,41
	5	49	-4010,53	8185,57	8,78
	6	67	-4001,75	8228,21	0,00
	CL ^b 5	2	14	-4031,86	8110,81
3		23	-4023,40	8124,12	9,66
4		35	-4013,73	8145,06	4,21
5		50	-4009,53	8186,90	7,77
6		68	-4001,75	8231,55	0,00
CL ^b 6		2	15	-4031,85	8114,16
	3	24	-4023,10	8126,89	10,84
	4	36	-4012,26	8145,47	5,05
	5	51	-4007,21	8185,62	5,46
	6	69	-4001,75	8234,89	0,00

HOM^a – homogeneidade de variância residual; CL^b – número de classes de variância residual