

AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA PROLIFICIDADE DOS SUÍNOS DE RAÇA BÍSORA

2012

Autores:

Prof.^a Ângela Martins

Prof. Mário Silvestre

Prof. Jorge Colaço

Vila Real, 31/05/2013



ÍNDICE

1. EDIÇÃO DE DADOS.....	3
2. MODELO.....	5
3. RESULTADOS	5
4. REFERÊNCIAS	7

AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA PROLIFICIDADE DOS SUÍNOS DE RAÇA BÍSARA

1. Edição de dados

A base de dados inicial apresentava 14619 registos de prolificidade parto de 03/04/1995 até 29/11/2012. Foram eliminados de forma consecutiva 280 registos de idade ao primeiro parto menores do que 270 dias, 858 registos com número de parto maior do que 6, 30 registos com prolificidade superior a 22, e 2564 registos com número de observações inferior a cinco para o grupo Criador-ano de parto-estação de parto (CAE). Foram consideradas duas estações do ano de parto: Maio - Outubro e Novembro - Abril, para depois serem combinadas no efeito CAE. O ficheiro final apresentou 10778 registos de 4825 porcas.

Tabela 1. Critérios de edição dos dados.

Critério	Número de registos
Idade 1º parto <270 dias	280
Número de parto >6	858
Prolificidade>22	30
Criador-ano parto-estação parto<5 obs.	2673
Total	3841

2. Modelo

Para a avaliação genética da prolificidade foi usado o modelo misto de repetibilidade. Para a estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos utilizou-se o programa VCE versão 6.0.2 (Groeneveld *et al.*, 2008), com o método da máxima verossimilhança restrita (REML). Para estimação dos valores genéticos aditivos foi utilizado o programa PEST versão 4.2.4 (Groeneveld *et al.*, 1990) pelo método do melhor preditor linear não enviesado (BLUP). O modelo aplicado pode ser descrito pela seguinte equação:

$$y_{ijklm} = np_i + idade_p + cae_k + animal_l + perm_m + e_{ijklm}$$

Os efeitos fixos considerados foram o número de parto (np) e criador-ano de parto-estação de parto (CAE)

3. Resultados

As estimativas da heritabilidade (h^2) e da repetibilidade (R) para a característica prolificidade foram de:

$$h^2 = 0.0423 \pm 0.02$$

$$R = 0.166399 \pm 0.02$$

Os resultados da avaliação genética de 5795 animais nascidos com ligação genética à base de dados fenotípicos ($VG \neq 0$) são apresentados no documento em anexo (res.xls). Para uma característica destas, os animais de melhor valor genético (VG)

serão aqueles cujo valor é positivo tendo em consideração que se pretende aumentar a prolificidade. É importante ter também em consideração que quanto menor o erro padrão (EP) maior é a fiabilidade do VG.

Na Tabela 2 está representado o nível de consanguinidade dos animais presentes na genealogia utilizada para a avaliação.

Tabela 2 – Nível de consanguinidade dos animais presentes na genealogia.

% de consanguinidade	Nº de animais
90 < 95	3
85 < 90	74
80 < 85	109
75 < 80	168
70 < 75	230
65 < 70	347
60 < 65	451
55 < 60	646
50 < 55	3259
45 < 50	77
40 < 45	114
35 < 40	127
30 < 35	41
25 < 30	92
20 < 25	1
15 < 20	6
10 < 15	12
5 < 10	1
0	37
Total	5795

Da Tabela 2 podemos verificar que cerca de 99,4% dos animais são consanguíneos (n=5795). A consanguinidade média dos animais consanguíneos é de 54.9% e a consanguinidade máxima foi de 90.6%.

A Tabela 3 refere-se à informação que segue em anexo no documento res.xls

Tabela 3. Informação disponível no documento res.xls.

NUMERO	Identificação do animal
NUMERO_PAI	Identificação do pai
NUMERO_MAE	Identificação da mãe
SEXO	Sexo
Datanasc	Data de nascimento
VG	Valor genético
EP	Erro padrão
F	Consanguinidade
Descendentes	Número de descendentes

4. Referências

- Groeneveld, E., M. Kovac, e N. Mielenz. 2008. VCE User's Guide and Reference Manual Version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics, Mariensee, Germany.
- Groeneveld, E., M. Kovac, e T. Wang. 1990. PEST software for multivariate prediction and estimation, Version 4.2. Department of Animal Sciences, University of Illinois, USA.