

IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

### **Análise Bayesiana de modelos trivariados linear e Poisson na avaliação genética do tamanho de leitegada em suínos da raça Landrace**

Henrique Torres Ventura<sup>1</sup>, Fabyano Fonseca e Silva<sup>2</sup>, Paulo Sávio Lopes<sup>3</sup>, Elsieo Antonio Pereira de Figueiredo<sup>4</sup>,

<sup>1</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia - UFV/Viçosa. Bolsista do CNPq

<sup>2</sup>Departamento de Estatística - UFV/Viçosa

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia - UFV/Viçosa. Bolsista do CNPq, INCT Ciência Animal

<sup>4</sup>Pesquisador da Embrapa Suínos e Aves - Concórdia

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi analisar os modelos trivariados linear e Poisson na avaliação genética entre partos do número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto em suínos Landrace por meio da metodologia Bayesiana. Três características foram avaliadas: Número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2) e número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3). Foram utilizados dois modelos: modelo trivariado linear misto e modelo trivariado Poisson misto. Os modelos foram comparados com base no critério de informação da deviance (DIC). Foi observado que as modas das distribuições a posteriori das herdabilidades foram baixas. Verificou-se que a moda da distribuição a posteriori da herdabilidade para número de leitões nascidos no terceiro parto obtida com o modelo linear foi divergente dos valores desse parâmetro nas demais ordens de parto. Esses resultados indicam que o número de leitões nascidos pode ter base genética diferente nos três primeiros partos. As modas das distribuições a posteriori das correlações genéticas entre o número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto foram altas mas diferentes da unidade com o modelo linear, e baixas com o modelo Poisson. O modelo linear foi o que melhor ajustou os dados. Conclui-se que o modelo trivariado linear misto é o mais indicado para avaliação genética do número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto, nesta população.

**Palavras-chave:** avaliação genética, características reprodutivas, cadeias de Markov - Monte Carlo

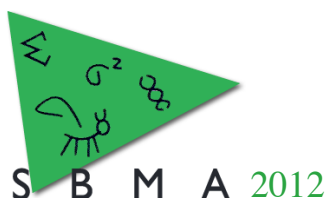
### **Bayesian analysis of linear and Poisson tri-trait models in genetic evaluation of litter size in Landrace pigs**

**Abstract:** This study aimed to analyze linear and Poisson tri-trait models in genetic evaluation across parities of number of piglets born in first, second and third farrowing in Landrace pigs, using Bayesian methodology. Three traits were evaluated: Number of piglets born at first farrowing (NLN1), number of piglets born at second farrowing (NLN2) and number of piglets born at third farrowing (NLN3). Two models were used: linear tri-trait mixed model and Poisson tri-trait mixed model. The models were compared using deviance criterion information (DIC). It was observed that the modes of the posterior distributions of heritabilities were low. It was found that the mode of posterior distribution of heritability for number of piglets born at the third farrowing obtained with the linear model were divergent from the values of this parameter obtained at second and first farrowing. These results indicate that the number of piglets born may have different genetic basis in the first three order of farrowing. The modes of the posterior distributions of genetic correlations between the number of piglets born in the first three orders of farrowing were high but different from unity using linear model, and were low using Poisson model. Data fitting was better using linear model. It was concluded that the linear tri-trait mixed model is the best choice to genetic evaluation of litter size in the first, second and third farrowing, in this population.

**Keywords:** genetic evaluation, reproductive traits, Markov chain – Monte Carlo

### **Introdução**

A prolificidade da matriz suína tem importância primordial entre os fatores determinantes da viabilidade da produção de suínos e deste modo deve-se buscar estratégias para que se obtenha melhoras nesse aspecto.



## IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

Avaliar geneticamente o tamanho de leitegada em diferentes ordens de parto como características distintas permite investigar se a expressão da mesma ao longo dos partos é, geneticamente, a mesma característica, e deste modo possibilita definir qual a melhor opção analítica.

Foulley et al. (1987) levantaram uma hipótese em que o tamanho de leitegada poderia ser avaliado por meio da utilização de um modelo Poisson. Esses autores argumentaram que por se tratar de uma característica de contagem, o tamanho de leitegada, poderia ser analisado com a utilização de um modelo Poisson. No entanto, estudos realizados por Perez-Enciso et al. (1993) para avaliação genética do tamanho de leitegada em suínos Ibéricos, com a utilização do método de estimação máxima verossimilhança restrita (REML) sob um modelo Poisson, foram pouco conclusivos.

Uma ferramenta viável para o ajuste de modelos lineares e não-lineares é a metodologia Bayesiana via amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo) que, entre outras vantagens, possibilita uma descrição probabilística de incerteza que considera a perda de informação resultante da estimação dos parâmetros do modelo.

Portanto, objetivou-se no presente estudo analisar os modelos trivariados linear e Poisson na avaliação genética entre partos do número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto em suínos da raça Landrace por meio da metodologia Bayesiana via amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo).

### Material e Métodos

Dados de leitegada foram obtidos em partos de matrizes suínas da raça Landrace. O período de obtenção dessas informações foi de 2003 a 2006, e a cooperativa Aurora, situada no estado de Santa Catarina, Brasil, foi a responsável pela produção dos animais. Três características foram avaliadas: Número de leitões nascidos no primeiro parto (NLN1), número de leitões nascidos no segundo parto (NLN2) e número de leitões nascidos no terceiro parto (NLN3). O conjunto de dados original foi editado para retirar registros com erros e foram formados 15 grupos contemporâneos (GC) baseados no ano e na estação do parto.

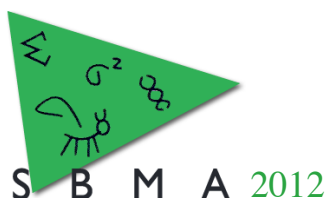
Foram realizadas duas análises tri-características, em que o conjunto de dados foi analisado por meio de dois diferentes modelos estatísticos: modelo trivariado linear misto e modelo trivariado Poisson misto. Ambos os modelos foram ajustados aos dados por meio da metodologia Bayesiana via amostragem MCMC (Cadeias de Markov – Monte Carlo) e incluíram o efeito fixo de grupo contemporâneo (GC) e o efeito aleatório genético aditivo. Os parâmetros dos modelos foram estimados com a utilização do pacote MCMCglmm do software R. Os modelos foram comparados com base no critério de informação da deviance (DIC), em que valores menores indicam modelos com melhor ajuste dos dados e menor complexidade.

### Resultados e Discussão

Os valores  $p$  do teste de convergência de Geweke (Tabela 1) obtidos possibilitaram inferir que as cadeias de todos os parâmetros convergiram ao se considerar um nível de significância igual a 0,05. Foi observado que os valores do erro Monte Carlo (Tabela 1) foram baixos, o que indica que o tamanho da cadeia foi suficiente para obtenção de estimativas acuradas dos parâmetros.

As modas das distribuições a posteriori das herdabilidades (Tabela 1) foram baixas, principalmente quando obtidas pelo modelo linear. Verificou-se que a moda da distribuição a posteriori da herdabilidade para número de leitões nascidos no terceiro parto, foi divergente ao comparar com os valores desse parâmetro obtidos nas demais ordens de parto com utilização do modelo linear. Esses resultados podem ser indício, de acordo com Roehe & Kennedy (1995), de que o número de leitões nascidos não é controlado pela mesma base genética nas três primeiras ordens de parto.

Foi observado que as modas das distribuições a posteriori das correlações genéticas entre o número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto (Tabela 1) foram altas, mas diferentes da unidade, quando obtidas por meio do modelo linear, e baixas quando obtidas por meio do modelo Poisson. Os valores obtidos com a utilização do modelo linear estão mais próximos dos encontrados na literatura, como pode ser verificado em revisão realizada por Kim (2000).



## IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

O valor do critério de informação da deviance DIC obtido com a utilização do modelo linear foi de 6211, 56 e com o uso do modelo Poisson foi de 7299, 52, o que indica que o modelo linear ajusta melhor os dados desse estudo com um menor grau de complexidade.

O fato de o modelo linear ser o que melhor ajusta os dados analisados nesse estudo permite inferir que as herdabilidades, nesta população, ao longo das três primeiras ordens de parto não são iguais e que a correlação genética entre o número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto diferem da unidade. Deste modo, existem indícios de que o número de leitões nascidos não é, geneticamente, a mesma característica nas três primeiras ordens de parto. Assim, a utilização de um modelo trivariado linear misto é a melhor opção analítica para avaliação genética do número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto, nesta população.

**Tabela 1.** Moda, desvio padrão, erro Monte Carlo e Geweke p-valor da distribuição a posteriori das herdabilidades e correlações genéticas para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto obtidos com os modelos linear e Poisson.

Parâmetro	Moda		Desvio Padrão		Erro Monte Carlo		Geweke p-valor	
	L	P	L	P	L	P	L	P
h2NLN1	0,02	0,08	0,12	0,02	0,0035	8,21e-05	0,21	0,47
h2NLN2	0,02	0,08	0,21	0,02	0,0060	0,0001	0,24	0,76
h2NLN3	0,01	0,08	0,22	0,02	0,0083	0,0001	0,31	0,84
rg NLN1 x NLN2	0,89	0,15	0,62	0,16	0,0234	0,0006	0,72	0,61
rg NLN1 x NLN3	0,88	0,12	0,62	0,16	0,0228	0,0008	0,91	0,21
rg NLN2 x NLN3	0,89	0,18	0,60	0,17	0,0208	0,0005	0,45	0,25

h2NLN1, h2NLN2, h2NLN3 : herdabilidade a posteriori para número de leitões nascidos no primeiro, segundo e terceiro parto respectivamente; rg NLN1 x NLN2, rg NLN1 x NLN3, rg NLN2 x NLN3: correlações genéticas a posteriori entre número de leitões nascidos no primeiro e segundo parto, primeiro e terceiro parto e segundo e terceiro parto, respectivamente. L: modelo trivariado linear misto; P: modelo trivariado Poisson misto.

### Conclusões

O modelo trivariado linear misto é o mais indicado para avaliação genética do número de leitões nascidos nas três primeiras ordens de parto, nesta população.

### Literatura citada

- FOULLEY, J.L.; GIANOLA, D.; IM, S. Genetic evaluation of traits distributed as Poisson- binomial with reference to reproductive traits. **Theoretical and Applied Genetics**, v.73, p.870-877, 1987.
- KIM, H. J. **Genetic Parameters for Productive and Reproductive Traits of Sows in Multiplier Farms**. 2000. 87f. Tese (Doctorate in Agricultural Sciences), Georg-August-University of Gottingen, Gottingen, Germany.
- PEREZ-ENCISO, M.; TEMPELMAN, R.J.; GIANOLA, D.A. Comparison between linear and Poisson mixed models for litter size in Iberian pigs. **Livestock Production Science**, v.35, p.303-316, 1993.
- 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. **Journal of Animal Science**, v.73, p.2959-2970, 1995.