

## Comparação entre modelos para estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos da raça Large White

Leandro Barbosa<sup>1</sup>  
Paulo Sávio Lopes<sup>2</sup>  
Pedro Crescêncio Souza Carneiro<sup>3</sup>  
Adair José Regazzi<sup>4</sup>  
Robledo de Almeida Torres<sup>2</sup>  
André Ribeiro Corrêa da Costa<sup>5</sup>  
Aldrin Vieira Pires<sup>6</sup>  
Mário Luis Santana Junior<sup>7</sup>

### RESUMO

Registros de 38.865 animais da raça Large White foram usados para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. As características avaliadas foram idade para atingir 100 kg de peso vivo (IDA) e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo (ET). Foram utilizados quatro diferentes modelos mistos e para escolha do modelo que melhor se ajustou aos dados, foi utilizado o critério de informação de Akaike (AIC). A inclusão do efeito comum de leitegada e efeito genético aditivo materno no modelo com efeito genético aditivo direto, tanto na análise de características simples, quanto nas de múltiplas características, apresentou o menor valor de AIC. O modelo que incluiu os efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, além do genético aditivo direto, foi, portanto, o recomendado. As estimativas de herdabilidade aditiva direta foram médias (em torno de 0,28 e 0,45) e as herdabilidade aditiva materna foram baixas (em torno de 0,06 e 0,05) para IDA e ET, respectivamente. As correlações entre efeito genético aditivo direto e aditivo materno foram negativas, evidenciando antagonismo entre esses efeitos. As estimativas para  $c^2$  foram em torno de 0,03 e 0,11 para ET e IDA respectivamente.

**Palavras chave:** comparação de modelos, critério de informação de Akaike, herdabilidade, modelo animal, REML.

### ABSTRACT

#### Evaluation of models to estimate genetic parameters for performance traits in Large White pigs

Records of 38,865 Large White pigs were used to estimate (co)variance components and genetic parameters. Traits evaluated included: days to 100 kg (DAYS) and backfat thickness adjusted to 100 kg (BF). (Co)variance components and genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood, with a derivative-free algorithm using the DFREML software. Four different mixed models were used. The Akaike's information criterion (AIC) was used to choose the model to give the best fit to the data. The inclusion of common litter and maternal effects on additive direct model in both single and multiple trait analyses showed a lower AIC value. Thus, the inclusion of additive maternal genetic and common litter effects, in addition to the additive direct genetic effect, was recommended.

<sup>1</sup> Departamento de Engenharia Agrônômica, UFS, Av. Marechal Rondon, s/n, Bairro Jardim Rosa Elze, CEP 49100-000 São Cristóvão-SE. E-mail: leandro@ufs.br

<sup>2</sup> Departamento de Zootecnia, UFV, CEP 36570-000 Viçosa, MG

<sup>3</sup> Departamento de Biologia Geral, UFV, CEP 36570-000 Viçosa, MG

<sup>4</sup> Departamento de Informática, UFV, CEP 36570-000 Viçosa, MG

<sup>5</sup> Geneticista da SADIA/S.A., Rod. 282, CEP 89694-000 Faxinal dos Guedes, SC.

<sup>6</sup> Professor da UFVJM – CEP 39100-000 Diamantina-MG.

<sup>7</sup> Estudante de Pós-Graduação da UFV, CEP 36570-000 Viçosa, MG

The estimates for additive direct heritabilities were medium (around 0.28 and 0.45) and the maternal heritabilities were low (around 0.06 and 0.05) for DAYS and BT, respectively. Correlations between additive direct and maternal genetic effects were negative, showing antagonism between these effects. The estimates for  $c^2$  were around 0.03 and 0.11 for BF and DAYS, respectively.

**Key words:** genetic parameters, REML, animal model, performance, swine

## INTRODUÇÃO

A melhoria do potencial genético pode ser alcançada por meio de avaliações genéticas para características relacionadas com crescimento e posterior seleção dos animais superiores. A eficiência da avaliação genética depende da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos acuradas para as características de maior interesse. As acurácias da estimativas desses parâmetros dependem de um conjunto de fatores, destacando-se o número de informações, o modelo estatístico e o método de estimação dos componentes de (co)variância, utilizados.

A aplicação de métodos estatísticos aliado a programas computacionais, torna-se de fundamental importância na separação do componente genético dos demais componentes referentes a diferentes causas que participam do valor fenotípico de cada indivíduo. Existem vários métodos de estimação de componentes de (co)variância; todavia, o da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (“Restricted Maximum Likelihood”), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971), que se baseia no princípio de maximização do logaritmo da função densidade de probabilidade das observações, tem sido o mais utilizado (Lopes & Quaas, 1997; Costa *et al.*, 2001; Torres Filho *et al.*, 2004).

De acordo com Meyer (1986), o método REML é o mais recomendado para dados desbalanceados e mais adequado para estimação de parâmetros genéticos dos dados de melhoramento animal, pois além de considerar a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos, as estimativas caem sempre dentro do espaço paramétrico. Esse método não contém o viés associado aos efeitos fixos em pequenas amostras associadas ou provenientes de dados submetidos à seleção.

A escolha dos modelos estatísticos, mais precisos, a serem utilizados na estimação dos componentes de (co)variância da população e na predição dos valores genéticos dos indivíduos é um dos primeiros passos para o sucesso dos programas de melhoramento genético, na predição de valores genéticos. Quanto à avaliação genética de suínos, não há consenso na literatura, quanto aos efeitos

aleatórios a serem incluídos nos modelos, razão pela qual é necessária avaliação, para cada situação específica.

Objetivou-se, neste estudo, estimar parâmetros genéticos, via REML, utilizando diferentes modelos mistos, com relação à inclusão de diferentes efeitos aleatórios, em características de desempenho em uma população de suínos da raça Large White.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados nesse trabalho são de suínos da raça Large White, provenientes de uma granja localizada no oeste do estado de Santa Catarina.

Os animais nasceram no período de 1996 a 2003. Ao nascimento, além dos cuidados normais, os leitões foram redistribuídos num processo de equalização de leitegada por número e classe de peso (3 classes), sendo que até a desmama (+ 21 dias) houve outra equalização entre as leitegadas das porcas que pariram na mesma semana.

Os animais foram mantidos na recria até a 12ª semana de idade. A partir dessa idade, os machos foram criados em baias individuais, e as fêmeas em baias coletivas de 12 animais; quando os animais atingiram 100 Kg de peso vivo, foi medida a espessura de toucinho.

Foram avaliadas as características idade para atingir 100 Kg de peso vivo e espessura de toucinho ajustada para 100 Kg de peso vivo.

Como efeito fixo, foi utilizado grupo contemporâneo, formado pela combinação da semana do ano, com o ano e sexo dos animais.

Para obtenção dos componentes de (co)variância foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas, por meio do programa DFREML (Meyer, 1998). Foram utilizados quatro diferentes modelos mistos, contendo o efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: modelo 1 = efeito genético aditivo direto e residual; modelo 2 = modelo 1, incluindo o efeito comum de leitegada; modelo 3 = modelo 1, incluindo efeito genético aditivo materno; modelo 4 = modelo 3, incluindo o efeito comum de leitegada.

- ✓ Modelo 1:  $y = X\tilde{b} + Z_1\tilde{d} + e$
- ✓ Modelo 2:  $y = X\tilde{b} + Z_1\tilde{d} + Z_3\tilde{p} + e$
- ✓ Modelo 3:  $y = X\tilde{b} + Z_1\tilde{d} + Z_2\tilde{m} + e$
- ✓ Modelo 4:  $y = X\tilde{b} + Z_1\tilde{d} + Z_2\tilde{m} + Z_3\tilde{p} + e$

em que:

$\tilde{y}$  = vetor de observações;

$\tilde{b}$  = vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

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

$\tilde{d}$  = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos;

$\tilde{Z}_1$  = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos;

$\tilde{m}$  = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos;

$\tilde{Z}_2$  = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos maternos;

$\tilde{p}$  = vetor de efeitos comuns de leitegadas;

$\tilde{Z}_3$  = matriz de incidência de efeitos comuns de leitegadas; e

$\tilde{e}$  = vetor de efeito residual.

As pressuposições para os efeitos aleatórios são:

$$\begin{bmatrix} \tilde{d} \\ \tilde{m} \\ \tilde{p} \\ \tilde{e} \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & C & \phi & \phi \\ C & M & \phi & \phi \\ \phi & \phi & P & \phi \\ \phi & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que:  $G = A \otimes G_0$ , sendo  $A$  uma matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco, de Wright, entre os indivíduos e  $G_0$  é uma matriz (co)variâncias genéticas aditivas diretas;  $M = A \otimes M_0$ , sendo  $M_0$  uma matriz de (co)variâncias genéticas aditivas maternas;  $C = A \otimes C_0$ , sendo  $C_0$  uma matriz de covariâncias entre efeitos direto e materno;  $P = I \otimes P_0$ , sendo  $I$  uma matriz identidade e  $P_0$  uma matriz de (co)variâncias atribuídas aos efeitos comuns de leitegada;  $R = I \otimes R_0$ , sendo  $R_0$  uma matriz (co)variâncias residuais;  $\phi$  é a matriz de zeros; e  $\otimes$  é o operador produto direto (Searle, 1971).

Cada análise foi reiniciada com diferentes valores iniciais, para garantir que os valores dos componentes estimados correspondessem ao máximo absoluto da função de verossimilhança, na tentativa de evitar a convergência para um máximo local. Como critério de convergência foi considerada a variância do "Simplex" inferior a  $10^{-9}$ .

A estatística do teste da razão de verossimilhança (LRT) foi calculada para testar a significância de um modelo  $i$ , contendo um parâmetro adicional, comparado com outro modelo  $j$ , cujo parâmetro não estava presente.

$$LRT = -2 \log_e L_i - 2 \log_e L_j$$

Comparou-se o valor obtido para a estatística do teste da razão de verossimilhança (LRT) com o valor do qui-quadrado ( $\chi^2_{Tab}$ ) com 1 grau de liberdade, e procedeu-se às conclusões da seguinte maneira: se  $LRT > \chi^2_{Tab}$  efeito tinha influência significativa. O nível máximo de significância utilizado foi 5%.

Uma vez que o teste LRT tende a favorecer modelos com maior número de parâmetros (Olori *et al.*, 1999; Meyer, 2000), foi utilizado o critério de informação de Akaike (AIC), o qual corrige tal tendência. O AIC envolve máxima verossimilhança e penaliza o número de parâmetros do modelo e é dado por:

em que:  $p$  = ao número de parâmetros do modelo.

O modelo com menor valor, é considerado o de melhor ajuste.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A descrição dos dados está apresentada na Tabela 1. Na tabela 2 são apresentados os valores obtidos pelo teste de razão de verossimilhança e o nível de significância e na tabela 3, para o critério de informação de Akaike.

A inclusão do efeito comum de leitegada e, ou efeito genético aditivo materno no modelo com efeito genético aditivo direto foi significativa, tanto na análise de caracte-

**Tabela 1.** Descrição da estrutura dos dados, médias e desvio-padrão para as características dias para atingir 100 kg e espessura de toucinho em suínos da raça Large White

Item	Valores
Número de observações	38.865
Numero de animais	39.381
Grupos contemporâneos	809
Número de porcas	2.684
Número de varrões	318
Número de leitegadas	5.629
Idade para atingir 100 kg (dias)	
Média	143,05
Desvio-padrão	11,25
Coeficiente de variação	7,87
Espessura de toucinho (mm)	
Média	10,38
Desvio-padrão	1,87
Coeficiente de variação	18,03

terísticas simples quanto na de múltiplas características, conforme apresentado na Tabela 2. O modelo 4 que inclui os efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, além do genético aditivo direto, é portanto o recomendado. Resultados semelhantes foram obtidos por Pires *et al.* (2000) e Torres Filho *et al.* (2004). Pelo critério de AIC (Tabela 3), o modelo 4 foi também o mais adequado, pois apresentou menor valor de AIC. Sendo assim, recomenda-se a inclusão dos efeitos genético materno e comum de leitegada, além do efeito genético aditivo direto, na avaliação genética dessa população de suínos para as características avaliadas, em análises de características simples e múltiplas.

Na Tabela 4 são apresentados os componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos para o modelo que melhor se ajustou aos dados (modelo 4), em análises de características simples e múltiplas.

As estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho corrigida para 100 Kg de peso vivo foram maiores que as estimativas para dias para atingir 100 Kg de peso vivo o que significa que há maior variação genética aditiva direta em relação a variação total para ET, indicando a possibilidade de se obterem maiores ganhos genéticos por meio de seleção dessa característica nesta população. Costa *et al.* (2001), também observaram maiores estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho quando comparadas com características de crescimento.

**Tabela 2.** Valores obtidos para o teste da razão de verossimilhança (LRT) em análise de características simples e múltiplas

LRT	Análise de características simples		Análise de características múltiplas
	IDA	ET	
LRT21	1096,92**	86,78**	1176,30**
LRT31	369,94**	74,88**	418,05**
LRT42	61,35**	56,60**	48,95**
LRT43	788,32**	68,50**	807,21**

IDA = idade para atingir 100 Kg de peso vivo; ET = espessura de toucinho ajustada para 100 Kg de peso vivo.  
\*\* (P < 0,01)

**Tabela 3.** Valores do logaritmo natural da função de verossimilhança (Log<sub>e</sub> L) e critério de informação de Akaike (AIC) em análise de características simples e múltiplas nos diferentes modelos avaliados

Modelo	Análise de característica simples				Análise de características múltiplas	
	IDA		ET		Log <sub>e</sub> L	AIC
	Log <sub>e</sub> L	AIC	Log <sub>e</sub> L	AIC		
1	-98.947	197.701	-33.712	67.431	-132.346	264.698
2	-98.299	196.606	-33.669	67.347	-131.758	263.524
3	-98.662	197.335	-33.675	67.360	-132.137	264.282
4	-98.268	196.549	-33.641	67.294	-131.733	263.477

IDA = idade para atingir 100 Kg de peso vivo; ET = espessura de toucinho ajustada para 100 Kg de peso vivo.

As estimativas de herdabilidade da espessura de toucinho para este estudo (Tabela 4), foram semelhantes as encontradas por Chen *et al.* (2002), que trabalharam com um modelo no qual se incluía efeito comum de leitegada e efeito genético aditivo materno além do efeito genético aditivo direto em análise unicaracterística. Kennedy *et al.* (1985) também obtiveram estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho aos 90 Kg, semelhantes às do presente trabalho, as quais variaram de 0,40 a 0,44, em diferentes raças. Por outro lado, Bryner *et al.* (1992), ao trabalharem com dados de Yorkshire da estação de teste norte americana, não incluindo efeito comum de letegada, observaram estimativa de herdabilidade superiores às do presente trabalho (0,56). Lo *et al.* (1992), também encontraram estimativa para espessura de toucinho superior (0,54); em um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, em análise univariada. Já, Johnson *et al.* (1999) ao trabalharem com um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, observaram estimativas de 0,36 para espessura de toucinho. Todavia, Ferraz & Johnson (1993), ao utilizarem quatro modelos animais para as raças Landrace e Large White, observaram estimativas bastante variáveis (0,39 a 0,50).

As estimativas de herdabilidade aditiva direta para idade para atingir 100 kg de peso vivo foram similares aos resultados obtidos por Costa *et al.* (2001), que observaram estimativa de herdabilidade de 0,27 para a característica peso ajustado aos 70 dias de idade, apesar desses autores terem utilizado um modelo que não incluía o efeito aditivo materno. Entretanto, Chen *et al.* (2002), observaram estimativas de herdabilidade aditiva direta, superiores (0,36) e estimativas de herdabilidade aditiva materno, inferiores (0,01) às encontradas no presente trabalho; para a característica idade para atingir 113,5 kg de peso vivo numa população de Large White, quando utilizou modelo completo, que incluía efeito genético aditivo materno e comum de leitegada, além do efeito genético aditivo direto.

A razão entre a variância do efeito comum de leitegada e variância fenotípica, expressada como proporção da

**Tabela 4.** Estimativas de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos usando modelo com efeito genético aditivo direto, genético aditivo materno e comum de leitegada, para idade para atingir 100 Kg (IDA) e espessura de toucinho ajustada para 100 Kg (ET)

Parâmetros	Análise de características simples		Análise de características múltiplas	
	IDA	ET	IDA	ET
$\sigma_d^2$	19,659	1,034	20,055	1,055
$\sigma_e^2$	42,311	1,333	42,091	1,322
$\sigma_p^2$	70,746	2,344	71,375	2,351
$\sigma_{dm}$	-2,934	-0,193	-3,779	-0,221
$\sigma_m^2$	3,662	0,105	4,943	0,125
$\sigma_c^2$	8,048	0,066	8,063	0,069
$h_d^2$	0,278	0,441	0,28 + 0,028*	0,45 + 0,030*
$h_m^2$	0,052	0,045	0,07 + 0,011*	0,05 + 0,009*
$r_{dm}$	-0,346	-0,586	-0,38 + 0,143*	-0,61 + 0,168*
$c^2$	0,114	0,028	0,11 + 0,006*	0,030 + 0,004*

$\sigma_d^2$  = Variância genética aditiva direta,  $\sigma_e^2$  = variância residual,  $\sigma_p^2$  = variância fenotípica,  $\sigma_{dm}$  = covariância genética aditiva direta e materna,  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva materna,  $\sigma_c^2$  = variância de efeito comum de leitegada,  $h_d^2$  = herdabilidade genética aditiva direta,  $h_m^2$  = herdabilidade genética aditiva materna,  $r_{dm}$  = correlação entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno,  $c^2$  = proporção atribuída ao efeito comum de leitegada

\* Erro-padrão

variância total ( $c^2$ ) está apresentada nas Tabela 4. Estes resultados corroboram os encontrados por Chen *et al.* (2002), que observaram estimativas de  $c^2$  variando de 0,12 a 0,16 para idade para atingir 113,5 Kg de peso vivo, em diferentes raças de suínos quando utilizou modelo completo, que incluía efeito genético aditivo materno e comum de leitegada além do efeito aditivo direto. Crump *et al.* (1997) observaram estimativa média de  $c^2$  de 0,05 para espessura de toucinho em várias análises o que corrobora os resultados encontrados neste estudo. Por outro lado, Li & Kennedy (1994) obtiveram resultados diferentes dos obtidos no presente trabalho, com médias de efeito comum de leitegada de 0,26 para a característica dias para atingir 100 kg de peso vivo e de 0,10 para espessura de toucinho, em um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno em análise bicaracterística; Johnson *et al.* (1999) também obtiveram estimativas diferentes (0,13) para espessura de toucinho em suínos da raça Large White, em um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno em análise unicaracterística. Todavia, Ferraz & Johnson (1993) observaram que aproximadamente 7% da variação em ganho de peso diário e 5% da variação em espessura de toucinho foram devidas ao efeito comum de leitegada, em suínos das raças Landrace e Large White, quando utilizaram diferentes modelos mistos.

Correlações entre efeito genético aditivo direto e aditivo materno foram negativas para as características avaliadas (Tabela 4), tanto em análise de características simples quanto múltiplas. Crump *et al.* (1997) observaram correlação média de -0,18 para espessura de toucinho e Ferraz &

Johnson (1993) obtiveram estimativas de -0,26. A estimativa de correlação genética deste estudo foram de maior magnitude, concordando com os resultados obtidos por Chen *et al.* (2002) que observaram estimativas que variaram de -0,35 a -0,60.

Apesar do presente trabalho indicar a inclusão dos efeitos comum de leitegada e genético aditivo materno, além do efeito genético aditivo direto, Ferraz & Johnson, (1993) e Crump *et al.* (1997), recomendam que para fins práticos, o efeito genético aditivo materno e a correlação entre efeito genético aditivo direto e aditivo materno podem ser ignorados para características de desempenho em suínos. Adicionalmente, Robison (1972) e Bryner *et al.* (1992) têm sugerido que há um possível confundimento entre efeito comum de leitegada e efeito genético aditivo materno; assim, seria recomendável a não inclusão do efeito comum de leitegada neste tipo de análise. Por outro lado, Roehe & Kennedy (1993) e Chen *et al.* (2003), apontaram confundimento entre efeito genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno.

Entretanto, se os efeitos genéticos aditivos diretos, aditivos maternos e comum de leitegada são importantes fontes de variação, mas não são considerados nas análises, as estimativas de herdabilidade podem ser viesadas e a eficiência da seleção pode ser reduzida. Segundo Souza *et al.* (1999), ao ignorar o efeito genético aditivo materno, quando na realidade ele existir, pode-se chegar à superestimação das herdabilidades direta e total. Do mesmo modo, esse autores mencionaram que quando se ignora o efeito comum de leitegada, a análise resulta em valores de herdabilidade materna superestimados.

Assim, recomendam-se a inclusão dos efeitos genéticos aditivos direto, materno e comum de leitegada nas análises de características de desempenho de suínos, e, quando as análises indicarem a não inclusão desses efeitos, novas metodologias (por exemplo, inferência bayesiana) deveriam ser implementadas a fim de se obterem estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis.

As correlações genéticas e fenotípicas existentes entre as características devem ser consideradas no processo de decisão sobre quais características serão incluídas num programa de melhoramento; uma vez que a seleção exercida sobre determinada característica poderá influenciar outras características. Portanto, é importante que se conheçam estas correlações para que se possa planejar melhor as estratégias de seleção em programas de melhoramento de qualquer espécie.

Neste estudo, a estimativa de correlação genética entre ET e IDA foi de 0,10 para o modelo completo (modelo 4), que sugere uma associação, do ponto de vista genético, muito baixa entre essas duas características. Isto significa que seleção para uma dessas características não irá inibir o progresso da outra e que seleção simultânea para ambas características pode ser realizada. Resultado semelhante foi encontrado por Bryner *et al.* (1992), ao trabalharem com espessura de toucinho e ganho de peso diário.

## CONCLUSÕES

A inclusão de efeitos genético aditivo materno e comum de leitegada, no modelo de avaliação genética em suínos da raça Large White, possibilita a obtenção de estimativas mais acuradas dos componentes de (co)variância e pode levar a uma correta classificação dos animais para fins de seleção.

As herdabilidades obtidas para as características de desempenho avaliadas indicam que ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos no melhoramento de suínos da raça Large White para essas características.

## REFERÊNCIAS

- Bryner SM, Mabry JW, Bertrand JK, Benyshek LL & Kriese LA (1992) Estimation of direct and maternal heritability and genetic correlation for backfat and growth rate in swine using data from centrally tested Yorkshire boars. *Journal Animal Science*, 70:1755-1759.
- Chen P, Bass TJ, Mabry JW, Koehler KJ & Dekkers JCM (2002) Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *Journal Animal Science*, 80:2062-2070.
- Chen P, Bass TJ, Mabry JW, Dekkers JCM & Koehler KJ (2003) Genetic parameters and trends for litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *Journal Animal Science*, 81:46-53.
- Costa ARC, Lopes OS, Torres RA, Regazzi AJ, Silva MA, Euclides RF & Pires AV (2001) Estimação de Parâmetros Genéticos em Características de Desempenho de Suínos das Raças Large White, Landrace e Duroc. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 30:49-55.
- Crump RE, Haley CS, Thompson R & Mercer J (1997) Individual animal model estimates of genetic parameters for reproduction traits of Landrace pigs performance tested in a commercial nucleus herd. *Animal Science*, 65:285-290.
- Ferraz JBS & Johnson RK (1993) 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. *Journal Animal Science*, 71:850-58.
- Johnson ZB, Chewning JJ & Nugent RA (1999) Genetic parameters for production traits and measures of residual feed intake in Large White swine. *Journal Animal Science*, 77:1679-1685.
- Kennedy BW, Johansson K & Hudson GFS (1985) Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90 kg in performance-tested pigs. *Journal Animal Science*, 61:78-82.
- Li X & Kennedy BW (1994) Genetic parameters for growth rate and backfat in Canadian Yorkshire, Landrace, Duroc, and Hampshire pigs. *Journal Animal Science*, 72:1450-1454.
- Lo LL, McLaren DG, McKeith FK, Fernando RL & Novakofski J (1992) Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritabilities and correlations. *Journal Animal Science*, 70:2387-2396.
- Lopes PS & Quaas RL (1997) Estimação de parâmetros genéticos em aves de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 26:1119-1123.
- Meyer K (1986) Between algorithms: a "short cut" restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. *Journal Dairy Science*, 69:1904-1916.
- Meyer K (1998) DFREML Version 3.0 User note. *Armidale: Animal Genetics and Breeding Unit* 33p.
- Meyer K (2000) Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. *Livestock Production Science*, 65:19-38.
- Olori VE, Hill WG & McGuirk BJ (1999) Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livestock Production Science*, 61:53-63.
- Patterson HD & Thompson R. (1971) Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58:545-54.
- Pires AV, Lopes PS, Torres RA, Euclides RF, Almeida MA & Costa ARC (2000) Tendências genéticas dos efeitos genéticos diretos e materno em características reprodutivas de suínos. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 29:1689-1697.
- Robison OW (1972) The role of maternal effects in animal breeding: Maternal effects in swine. *Journal Animal Science*, 35:1303-1315.
- Roehe R & Kennedy BW (1993) The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. *Journal Animal Science*, 71:2353-2364.
- Souza WH, Pereira CS, Bergmann AG & Silva FLR (1999) Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 28:1252-1262.
- Searle SR (1971) *Linear Models*. New York, John Wiley & Sons. Inc. 532p.
- Torres Filho RA, Torres RA, Lopes OS, Euclides RF, Araujo CV, Pereira CS & Silva MA (2004) Avaliação de modelos para estimação de componentes de (co)variância em características de desempenho e reprodutivas em suínos. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 33:350-357.