

**AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA  
PROLIFICIDADE DOS SUÍNOS DE RAÇA  
BÍSARA  
2020**

**Autores:**

Prof.<sup>a</sup> Ângela Martins

Prof. Mário Silvestre

Vila Real, 31/12/2020



---

**ÍNDICE**

1. EDIÇÃO DE DADOS .....	3
2. ANÁLISE FENOTÍPICA .....	4
3. MODELO .....	5
4. RESULTADOS.....	6
5. REFERÊNCIAS .....	8

**AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA PROLIFICIDADE DOS SUÍNOS DE RAÇA  
BÍSARA**

## 1. Edição de dados

A base de dados inicial apresentava 39979 registos de prolificidade de 03/04/1995 até 10/12/2020. Foram eliminados de forma consecutiva 647 registos de idade ao primeiro parto menores do que 270 dias, 2524 registos com número de parto maior do que 6 e 3474 registos com número de observações inferior a 5 para o grupo Criador-ano de parto-estação de parto (CAE) (Tabela 1). Foram consideradas duas estações do ano de parto: maio - outubro e novembro - abril, para depois serem combinadas no efeito CAE. O ficheiro final apresentou 33334 registos de 12480 porcas.

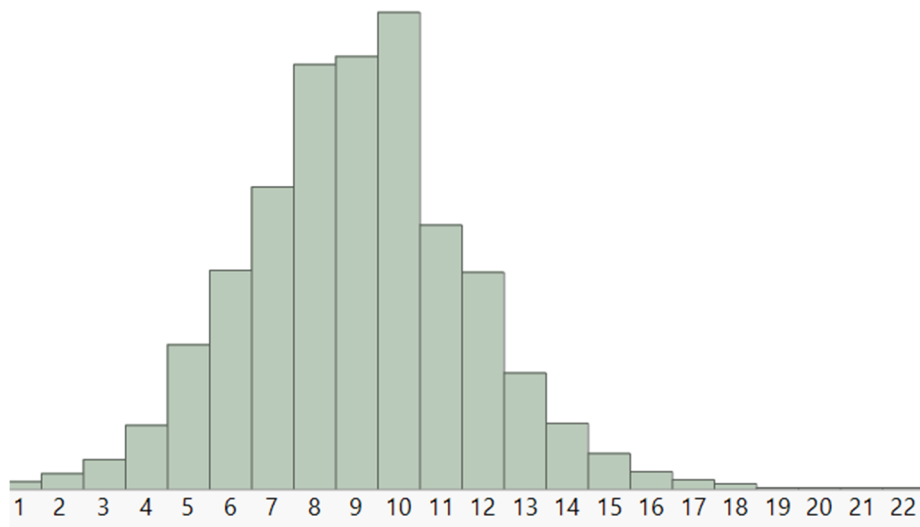
**Tabela 1.** Critérios de edição dos dados.

Critério	Número de registos
Idade 1º parto < 270 dias	647
Número de parto > 6	2524
Criador-ano parto-estação parto <5 obs.	3474
Total	6645

## 2. Análise fenotípica

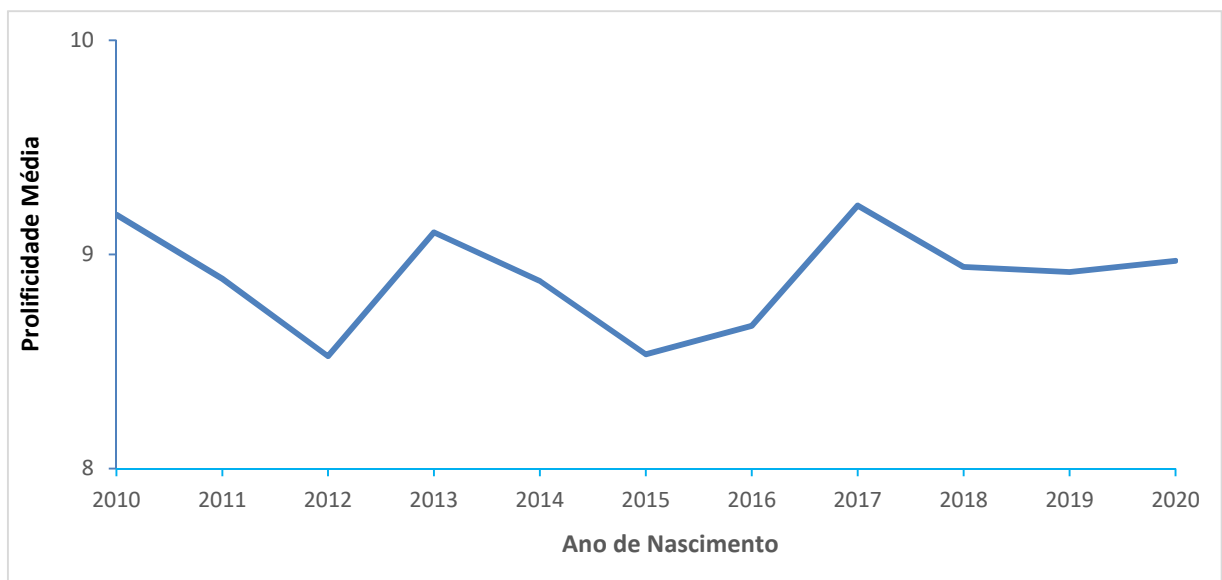
Verificou-se que a prolificidade média total foi de  $9 \pm 3$ . Os resultados mostram que a raça de suínos Bísara possui uma prolificidade mais reduzida que as raças comerciais utilizadas em explorações intensivas. A prolificidade média ao primeiro parto foi de  $8,7 \pm 2,5$ .

Os valores de prolificidades 8, 9 e 10 representam 47,2% dos partos (Figura 1).



**Figura 1.** Distribuição da prolificidade na raça de suínos Bísara.

Na Figura 2 está representada a evolução da prolificidade média por ano de parto, verificou-se que os valores mais baixos de prolificidade correspondem aos anos 2012 e 2015.



**Figura 2.** Evolução da prolificidade por ano de parto na raça de suínos Bísara.

Na Tabela 2 está representada a prolificidade média por número de parto que é significativamente influenciada por este ( $P < 0,001$ ). Verifica-se que a prolificidade média no parto 1 é menor do que nos partos seguintes.

**Tabela 2.** Idade e prolificidade média por número de parto.

Nº de parto	n	Idade média parto $\pm$ EP(meses)	Prolificidade média $\pm$ EP*
1	11714	18,4 $\pm$ 0,1	8,7 $\pm$ 0,02 <sup>c</sup>
2	8199	26,4 $\pm$ 0,1	9,1 $\pm$ 0,03 <sup>b</sup>
3	5489	33,1 $\pm$ 0,2	9,3 $\pm$ 0,04 <sup>a</sup>
4	3696	39,4 $\pm$ 0,2	9,2 $\pm$ 0,04 <sup>a</sup>
5	2537	45,2 $\pm$ 0,2	9,3 $\pm$ 0,05 <sup>ab</sup>
6	1699	50,8 $\pm$ 0,3	9,1 $\pm$ 0,07 <sup>ab</sup>

\*erro padrão da média

<sup>a,b</sup>médias com letra diferente são significativamente diferentes ( $P < 0,05$ )

### 3. 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 verosimilhança 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)

#### 4. Resultados

As estimativas da heritabilidade ( $h^2$ ) e da repetibilidade (R) para a característica prolificidade foram  $0,090 \pm 0,008$  e  $0,087 \pm 0,009$ , respetivamente (Tabela 3).

**Tabela 3.** Parâmetros genéticos estimados da prolificidade na raça de suínos Bísara.

<b>Parâmetros</b>	
Variância fenotípica ( $\sigma_p^2$ )	5,2931
Variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ )	0,19536
Variância ambiental permanente ( $\sigma_{ep}^2$ )	0,47346
Variância residual ( $\sigma_e^2$ )	4,62428
Heritabilidade ( $h^2$ )	$0,090 \pm 0,008$
Repetibilidade (R)	$0,087 \pm 0,009$

Os resultados da avaliação genética de 26560 animais nascidos com ligação genética à base de dados fenotípicos ( $VG \neq 0$ ) são apresentados no documento em anexo (res2020.xlsx). 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 4 está representado o nível de consanguinidade dos animais presentes na genealogia utilizada para a avaliação.

**Tabela 4 .** Nível de consanguinidade dos animais presentes na genealogia.

%F	Nº de animais
80-95	325
70-80	610
60-70	1676
50-60	<b>9680</b>
40-50	1378
30-40	241
20-30	97
5-20	27
0	47
<b>Total</b>	14034

Da Tabela 4 podemos verificar que cerca de 52,8% dos animais são consanguíneos (n=26560). A consanguinidade média dos animais consanguíneos é de 53,81 % e a consanguinidade máxima foi de 93,1%.

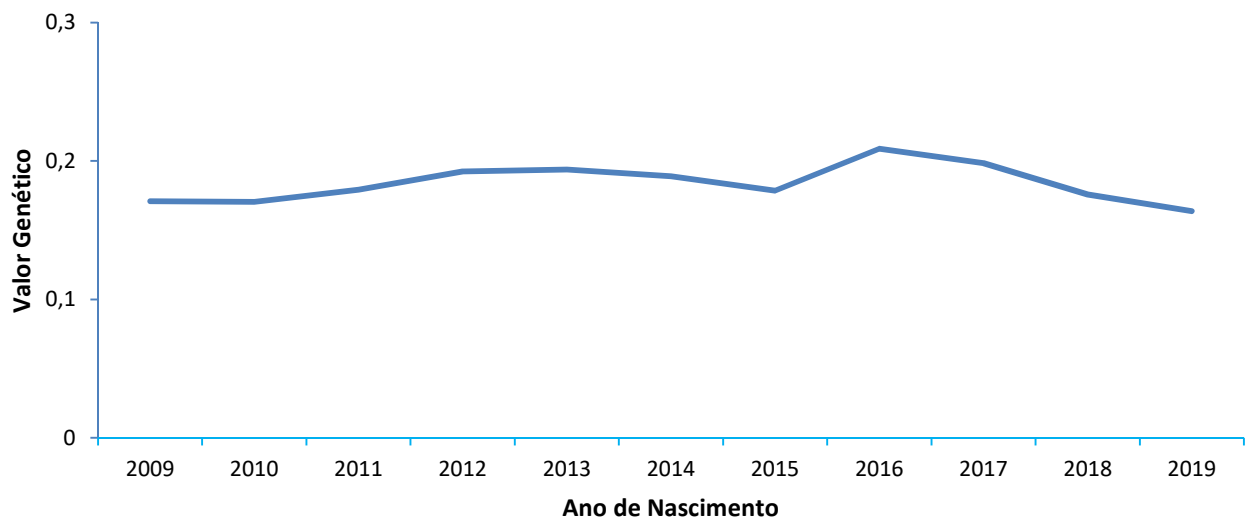
A Tabela 5 refere-se à informação que segue em anexo no documento res2020.xlsx.

Tabela 5. Informação disponível no documento res2020.xlsx.

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

Na Figura 3 está representado o valor genético médio por ano de nascimento. Podemos verificar que com base nos animais avaliados nos últimos 10 anos o valor

genético médio da prolificidade aumentou até 2014 e baixou ligeiramente em 2015 aumentando em 2016 e baixou nos últimos anos, de realçar que o número de registos de 2019 comparativamente aos outros anos são menores.



**Figura 3.** Tendência genética da prolificidade por ano de nascimento na raça de suínos Bísara de 2009 a 2019.

## 5. 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.