

## DETERMINAÇÃO DE FATORES EM CARACTERÍSTICAS DE SUÍNOS

Filipe Ribeiro Formiga TEIXEIRA<sup>1</sup>  
Moysés NASCIMENTO<sup>1</sup>  
Ana Carolina Campana NASCIMENTO<sup>1</sup>  
Débora Martins PAIXÃO<sup>2</sup>  
Camila Ferreira AZEVEDO<sup>1</sup>  
Fabyano Fonseca e SILVA<sup>2</sup>  
Cosme Damião CRUZ<sup>3</sup>  
Paulo Sávio LOPES<sup>2</sup>  
Simone Eliza Facione GUIMARÃES<sup>2</sup>

- RESUMO: Este trabalho teve como principal objetivo utilizar análise de fatores para descrever a estrutura de variabilidade de características consideradas comercialmente importantes em suínos, visando resumir a informação contida em tais variáveis em um número menor de variáveis latentes ou fatores. Os dados utilizados neste estudo são provenientes da Granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais e se referem a 41 variáveis fenotípicas, consideradas comercialmente importantes, mensuradas em uma população F2 de 345 suínos obtida pelo cruzamento de animais da raça Piau com animais Comerciais. Dos 10 fatores criados, 4 apresentaram interpretação prática, agrupando um total de 28 variáveis em fatores relacionados ao peso (14 variáveis), gordura (7 variáveis), lombo (3 variáveis) e desempenho (4 variáveis).
- PALAVRAS-CHAVE: Melhoramento animal; análise fatorial; redução da dimensionalidade.

### 1. Introdução

De acordo com o *United States Department of Agriculture* (USDA), a produção de carne suína chegou a 107.514 mil toneladas no ano de 2013. O Brasil aparece como quarto maior produtor, sendo responsável por 3% da produção global (cerca de 3370 mil toneladas).

A posição de destaque alcançada pelo Brasil deve-se, dentre outros fatores, aos investimentos em pesquisa e na evolução genética da espécie, que têm sido realizados nos últimos 20 anos (MAPA).

---

<sup>1</sup> Universidade Federal de Viçosa - UFV, Departamento de Estatística, CEP: 36570-000, Viçosa, MG, Brasil.  
E-mail: [filipeformiga0@gmail.com](mailto:filipeformiga0@gmail.com); [moysesnascim@ufv.br](mailto:moysesnascim@ufv.br); [ana.campana@ufv.br](mailto:ana.campana@ufv.br)

<sup>2</sup> Universidade Federal de Viçosa - UFV, Departamento de Zootecnia, CEP: 36570-000, Viçosa, MG, Brasil.  
E-mail: [fabyano.fonseca@ufv.br](mailto:fabyano.fonseca@ufv.br); [sfacioni@ufv.br](mailto:sfacioni@ufv.br); [plopes@ufv.br](mailto:plopes@ufv.br)

<sup>3</sup> Universidade Federal de Viçosa - UFV, Departamento de Biologia Geral, CEP: 46570-000, Viçosa, MG, Brasil.  
E-mail: [cacruz@ufv.br](mailto:cacruz@ufv.br)

Devido à importância econômica da suinocultura para o mercado e o contínuo crescimento da demanda, o melhoramento genético tem se tornado cada vez mais importante para o aumento da produção e melhoria da carne. Desta forma, estudos visando o melhoramento genético de suínos têm sido cada vez mais frequentes, podendo-se citar como exemplo o estudo desenvolvido por Paixão et al. (2012) que utilizaram marcadores microsatélites na identificação de locos de características quantitativas (QTL's) associados a características de carcaça e qualidade de carne. Pinheiro et al. (2013) utilizaram modelos de regressão aleatória (MRA) para detectar QTL's para características de crescimento. Já Azevedo et al. (2013) utilizaram regressão via componentes independentes para estimação de valores genéticos genômicos e dos efeitos de marcadores SNP's para características de carcaça de uma população F2 de suínos.

Apesar de interessantes, as conclusões obtidas nestes estudos são direcionadas para uma única variável, ou seja, o pesquisador define a característica de interesse e a investigação se dá a respeito dessa característica. Assim, estudos que permitissem a conclusão para mais de uma dessas características de interesse poderiam ser úteis, fornecendo resultados válidos para um conjunto de variáveis representadas por uma única variável latente.

Nesse sentido, uma abordagem que estuda a estrutura de variabilidade de variáveis visando reduzir a informação contida em tais variáveis em variáveis latentes (fatores) é a chamada análise de fatores.

Esta metodologia procura agrupar variáveis correlacionadas em fatores (ou variáveis latentes) de modo que se tenha uma redução significativa da dimensão a ser analisada. Ademais, as variáveis latentes apresentam um padrão de relacionamento devido a um fator comum que pode ser denominado de acordo com o conhecimento do pesquisador. Após a identificação e interpretação dos fatores, as variáveis latentes podem ser preditas e seus valores utilizados em análises posteriores, como por exemplo, em seleção genômica ampla na predição de efeitos de marcadores moleculares.

A análise de fatores foi utilizada no estudo apresentado por Silva et. al (2011). Nesse trabalho os autores objetivaram criar fatores para características de carcaça (tais como comprimento e rendimento de carcaça, comprimento do lombo, etc.) visando à posterior detecção de QTL's. Porém, além das características de carcaça, outras características associadas ao peso (pesos ao abate, da paleta e do pernil), à gordura (espessuras de toucinho e bacon) e à qualidade da carne (índice de saturação, maciez) também apresentam grande importância econômica e geralmente são mensuradas em programas de melhoramento de suínos, não foram utilizadas no estudo.

Diante do exposto, este trabalho teve por objetivo verificar a estrutura empírica de diversas características de uma população de suínos, de modo que variáveis correlacionadas sejam agrupadas em um número menor de variáveis latentes (interpretáveis), reduzindo a dimensionalidade do conjunto de dados.

## **2. Material e métodos**

Os dados utilizados neste estudo são provenientes da Granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais e se referem a 41 variáveis fenotípicas, consideradas comercialmente importantes, mensuradas em uma população F2 de 345 suínos obtida pelo cruzamento de

animais da raça Piau com animais comerciais. As 41 variáveis analisadas estão descritas na Tabela 1:

Tabela 1 - Descrição das 41 variáveis fenotípicas analisadas

Variável	Descrição	Variável	Descrição
PCARC	Peso de carcaça (kg)	PC	Peso do carré (kg)
PCD	Peso da carcaça direita (kg)	PL	Peso do lombo (kg)
TLD	Tam. da leitegada ao desmame	PB	Peso do bacon (kg)
TLN	Tam. da leitegada ao nascimento	PCOST	Peso da costela (kg)
IDA	Idade de abate (dias)	PF	Peso do filezinho (kg)
RCARC	Rendimento de carcaça (%)	PBR	Peso da banha rama (kg)
MBCC	Comp. de carcaça pelo método de classificação brasileiro (cm)	CR	Consumo de Ração (kg)
MLC	Comp. de carcaça pelo método de classificação americano (cm)	GPD	Ganho de peso médio diário (kg)
ETSH	Maior Esp. de toucinho, região da copa, linha dorso-lombar (mm)	CA	Conversão alimentar (kg/kg)
ETUC	Esp. de toucinho imediatamente após a última costela na linha dorso-lombar (mm)	NT	Número de tetos
ETUL	Esp. de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar (mm)	PA	Peso ao abate (kg)
ETL	Esp. de toucinho medida acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar (mm)	PN	Peso ao nascer (kg)
ETO	Esp. de toucinho (mm)	pH45	pH medido 45 minutos post-mortem
EBACON	Esp. do bacon (mm)	pH24	pH medido 24 horas post-mortem
PROLOM	Profundidade do lombo (mm)	L	Luminosidade
AOL	Área de olho de lombo (cm <sup>2</sup> )	GOINTR	Gordura intramuscular (%)
CORAC	Peso do coração (kg)	PGOTEJ	Perda por gotejamento (%)
PP	Peso do pernil (kg)	PCOZ	Perda por cozimento (%)
PPL	Peso do pernil sem pele e sem gordura (kg)	MACIEZ	Maciez objetiva (força de cisalhamento)
PCOPA	Peso da copa (kg)		
PPA	Peso da paleta (kg)	C	Índice de saturação

Tam. - Tamanho., Comp. - Comprimento, Esp. - Espessura

As variáveis foram corrigidas para efeito fixo de sexo, lote e a presença ou ausência do gene halotano.

Visando agrupar as variáveis correlacionadas aplicou-se ao conjunto de dados corrigido a análise de fatores. Tal metodologia tem como objetivos reduzir a dimensionalidade e descrever a variabilidade dos dados por meio de variáveis latentes (fatores), de modo que essas novas variáveis (interpretáveis e não observáveis) sejam capazes de explicar a maior parte da variação total.

O modelo fatorial adotado para uma variável  $X_i$  observável, com média  $\mu_i$  pode ser representado da seguinte forma (JOHNSON & WICHERN, 2007, SILVA et al., 2014):

$$X_i - \mu_i = l_{i1}F_1 + l_{i2}F_2 + \dots + l_{im}F_m + \varepsilon_i,$$

em que:  $i = 1, 2, \dots, p$  e  $m \leq p$ , sendo  $p$  o número de variáveis originais observáveis; o coeficiente  $l_{ij}$  é chamado de carga fatorial da  $i$ -ésima variável sobre o  $j$ -ésimo fator comum, sendo  $j = 1, 2, \dots, m$ ;  $F_1, F_2, \dots, F_m$  são denominados fatores comuns, variáveis aleatórias inobserváveis e  $\varepsilon_i$  são os erros aleatórios que estão associados somente a  $i$ -ésima variável corrigida  $X_i$ , respectivamente.

Para medir a adequabilidade dos dados utilizou-se o critério de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) e o teste de esfericidade de Bartlett (FERREIRA, 2011). Segundo Hair et. al (2005) valores de KMO acima de 0,5 são aceitáveis, por outro lado, Pallant (2007) sugere 0,6 como um valor razoável.

O número de fatores foi definido considerando um percentual de explicação de 70% da variabilidade total, que segundo Ferreira (2011) é suficiente para a redução dos dados de maneira satisfatória.

A alocação das variáveis em cada fator foi feita através dos *loadings* ( $l_{ij}$ ), ou cargas fatoriais, que consistem na correlação entre cada variável e os respectivos fatores. Esses valores, assim como a correlação simples, variam entre -1 e 1 e, quanto maior carga fatorial (em módulo) mais correlacionada a variável será com o respectivo fator. Logo, as variáveis farão parte do fator ao qual estiverem mais correlacionadas.

As communalidades foram utilizadas para avaliar a proporção de cada variável explicada pelo fator a qual ela pertence e a proporção explicada pelo erro aleatório. Segundo Figueiredo Filho (2010) tais valores devem ser superiores a 0,5. Finalmente, visando uma melhor interpretação da distribuição das variáveis nos respectivos fatores, utilizou-se a rotação Varimax.

### 3. Resultados e discussão

Após a análise de fatores, as variáveis latentes interpretáveis foram estimadas e seus valores foram apresentados em gráficos de duas dimensões. Este procedimento permite ao pesquisador verificar quais animais estão mais relacionados aos fatores encontrados.

De acordo com o índice de KMO (0,75), considerado satisfatório pelos critérios de Pallant (2007) e Hair et al. (2005), e com o teste de esfericidade de Bartlett, que apresentou significância estatística ( $p < 0,01$ ), verificou-se que há adequabilidade dos dados para análise de fatores.

Com base no critério de escolher um número de fatores tal que a explicação da variação total fosse superior a 70%, observou-se a formação de 10 fatores (Tabela 2).

Destes, apenas 4 apresentaram interpretação prática e são descritos abaixo, por ordem de importância.

O primeiro fator (F1) foi formado por variáveis relacionadas ao peso de diversos caracteres do animal e características de carcaça (Tabela 2). São elas: PCARC, PCD, MBCC, MLC, CORAC, PP, PPL, PCOPA, PPA, PC, PB, PCOST, PF e PA. Este resultado indica que as variáveis relacionadas ao peso e carcaça estão altamente correlacionadas entre si, o que possibilita a criação de um fator que pode ser denotado como “peso”. Esses resultados são corroborados pelo trabalho realizado por Silva et al. (2011), em que as variáveis MBCC e MLC se agruparam no mesmo fator. Além disso, observa-se que todas as variáveis apresentam valores da correlação positivos, ou seja, quanto maior o valor dessas variáveis, maior será o valor dos escores da nova variável “peso”. Dessa maneira, ao analisar os escores dessa nova variável, estaremos analisando todas as variáveis pertencentes a este, conjuntamente.

O segundo fator (F2) foi composto por variáveis relacionadas à gordura (todas as variáveis relacionadas à espessura de toucinho, peso do bacon e peso da banha rama). Portanto, teremos um fator que representa “gordura”. Assim como no fator anterior, todas as variáveis pertencentes a este apresentaram *loadings* positivos, e assim, o valor do escore desse fator aumentará de acordo com o aumento das variáveis pertencentes a ele. Novamente, tais resultados são semelhantes aqueles encontrados por Silva et. al (2011), em que variáveis de espessura de toucinho formaram um fator.

Já o terceiro fator (F3) pode ser nomeado como “lombo” visto que o mesmo agrupou três características relacionadas ao lombo (peso, profundidade e área). Novamente as variáveis que constituem o fator apresentam correlações positivas, indicando que altos valores dessas três variáveis estão associados a altos escores para o fator “lombo”. As características de lombo presentes no estudo de Silva et. al (2011) (área de olho do lombo e profundidade do lombo) formaram seu segundo fator.

Podemos observar que o quarto fator (F4) foi formado pelas variáveis relacionadas ao desempenho do animal (idade ao abate, consumo de ração, ganho de peso diário e peso ao nascer). Podemos então intitular esse fator como “desempenho”.

Praticamente todas as variáveis pertencentes aos fatores que possuem interpretação prática citados acima possuem um valor aceitável para a comunalidades ( $h^2 > 0,50$ ), com exceção da variável “peso do coração”, que apresentou  $h^2 = 0,39$ . As demais variáveis apresentaram em maioria valores acima de 0,70.

De acordo com a Figura 1, verifica-se, como esperado, a falta de associação entre os fatores definidos dada a hipótese para a construção da análise de fatores (Ferreira, 2011).

Após a identificação e estimação dos escores para cada fator, as variáveis latentes podem ser utilizados em análises posteriores, como por exemplo, na identificação de QTL's (Silva et al., 2011).

Como a grande maioria das variáveis apresentaram *loadings* positivos, podemos classificar os animais de acordo com os quadrantes. Desta forma, no primeiro quadrante, estão os indivíduos que se destacam positivamente em relação aos dois fatores avaliados no gráfico, ao contrário do terceiro quadrante, onde os animais não se destacam em nenhuma das variáveis (Figura 1). No segundo quadrante estão os indivíduos que possuem valores elevados da característica do eixo Y e valores baixos no eixo X, como por exemplo, no segundo quadrante da Figura 1(a) estão os indivíduos que apresentam alto valor de gordura e baixo valor do peso. Oposto do que acontece no quarto quadrante, em

que os indivíduos possuem altos escores para a variável do eixo X e baixos escores para a variável do eixo Y.

Tabela 2 - *Loadings* para cada variável em relação a todos os fatores, a variação explicada de cada um dos fatores e as communalidades (h2)

Variáveis	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	h2
PCARC	<b>0.87</b>	0.40	0.11	0.03	-0.07	0.06	0.00	-0.10	0.01	0.04	0.96
PCD	<b>0.87</b>	0.41	0.11	0.03	-0.06	0.06	0.00	-0.09	-0.01	0.06	0.96
TLD	-0.08	0.02	0.01	0.05	0.03	-0.07	<b>0.90</b>	0.08	-0.04	-0.06	0.84
TLN	0.05	0.03	-0.07	-0.02	0.01	-0.02	<b>0.92</b>	-0.10	0.00	-0.02	0.86
IDA	0.26	0.18	0.01	<b>-0.78</b>	-0.08	0.01	-0.08	0.03	-0.11	-0.01	0.73
RCARC	0.15	0.32	0.26	-0.09	0.08	0.10	-0.12	-0.28	0.07	<b>0.33</b>	0.42
MBCC	<b>0.82</b>	-0.25	-0.08	-0.03	0.09	-0.06	0.02	0.02	0.12	0.05	0.78
MLC	<b>0.84</b>	-0.22	-0.06	0.00	0.14	-0.10	0.09	0.03	0.16	-0.04	0.82
ETSH	0.13	<b>0.74</b>	0.00	-0.09	-0.01	-0.02	0.07	0.02	0.01	0.00	0.57
ETUC	0.06	<b>0.82</b>	0.12	0.08	-0.05	0.07	0.02	0.10	0.02	0.05	0.72
ETUL	0.05	<b>0.86</b>	0.05	0.07	-0.05	-0.02	0.08	0.00	-0.10	0.00	0.76
ETL	0.02	<b>0.88</b>	0.00	0.01	-0.05	-0.01	0.06	0.01	-0.10	0.01	0.78
ETO	0.04	<b>0.87</b>	-0.08	0.09	-0.08	-0.01	-0.06	0.05	0.02	-0.02	0.79
EBACON	0.05	<b>0.79</b>	-0.16	-0.03	-0.12	0.01	-0.07	-0.02	0.06	0.05	0.68
PROLOM	0.01	-0.07	<b>0.83</b>	0.02	0.01	-0.03	-0.04	0.05	0.02	-0.11	0.72
AOL	0.27	0.05	<b>0.82</b>	-0.03	0.03	0.09	-0.05	-0.08	0.00	0.09	0.77
CORAC	<b>0.52</b>	-0.15	0.15	-0.03	-0.02	0.00	-0.14	0.23	0.02	-0.09	0.39
PP	<b>0.77</b>	0.30	0.25	0.00	-0.09	0.13	0.00	-0.08	-0.11	-0.02	0.79
PPL	<b>0.78</b>	-0.07	0.37	-0.03	-0.06	0.10	0.03	-0.09	-0.10	0.06	0.79
PCOPA	<b>0.71</b>	0.25	0.13	0.01	-0.03	0.01	-0.02	-0.16	-0.07	0.04	0.62
PPA	<b>0.86</b>	0.10	0.02	0.04	-0.06	0.07	-0.05	-0.10	-0.10	-0.01	0.78
PC	<b>0.58</b>	0.48	0.28	0.03	-0.06	0.05	-0.01	-0.06	0.18	0.15	0.71
PL	0.51	-0.13	<b>0.63</b>	0.08	-0.02	0.08	0.07	-0.05	0.12	0.05	0.72
PB	<b>0.56</b>	0.54	-0.14	-0.05	-0.14	0.01	0.03	-0.13	0.14	-0.09	0.69
PCOST	<b>0.59</b>	0.15	-0.05	0.15	0.09	-0.09	0.02	0.16	-0.08	0.22	0.50
PF	<b>0.50</b>	0.03	0.37	0.11	-0.18	0.16	0.00	0.05	-0.31	0.09	0.57
PBR	0.26	<b>0.75</b>	-0.03	-0.06	-0.11	0.08	-0.07	-0.03	0.03	-0.11	0.67
CR	0.15	0.18	-0.04	<b>0.83</b>	-0.12	0.03	-0.01	0.02	0.07	0.08	0.78
GPD	0.28	0.02	0.00	<b>0.71</b>	0.01	0.07	0.05	-0.54	-0.07	0.01	0.89
CA	-0.17	0.15	-0.07	-0.06	-0.11	-0.03	-0.04	<b>0.75</b>	0.15	0.07	0.67
NT	-0.01	0.00	0.08	0.15	0.00	-0.01	-0.01	0.16	<b>0.81</b>	0.10	0.72
PA	<b>0.85</b>	0.31	0.05	0.02	-0.08	0.04	-0.01	-0.02	-0.04	-0.01	0.83
PN	0.11	0.05	0.19	<b>0.53</b>	0.10	-0.10	-0.08	0.39	0.09	-0.09	0.54
pH45	0.08	-0.07	-0.07	0.03	0.03	<b>-0.85</b>	0.03	0.02	-0.03	-0.10	0.75
pH24	0.23	-0.01	-0.18	0.09	<b>-0.60</b>	-0.04	0.05	0.07	-0.16	-0.15	0.51
L	0.04	-0.19	-0.06	0.00	<b>0.84</b>	0.07	0.05	-0.03	-0.15	-0.04	0.78
GOINTR	0.09	-0.07	-0.03	0.06	0.02	0.10	-0.06	0.05	0.05	<b>0.84</b>	0.75
PGOTEJ	0.17	0.06	0.07	-0.04	0.11	<b>0.86</b>	-0.07	-0.03	-0.03	0.05	0.80
PCOZ	0.18	-0.18	0.00	0.14	0.16	<b>0.40</b>	0.20	0.39	-0.13	0.03	0.48
MACIEZ	0.08	0.03	0.09	-0.16	-0.29	-0.45	0.15	0.13	<b>-0.41</b>	0.29	0.61

<b>C</b>	0.01	-0.20	-0.07	0.08	<b>0.85</b>	0.05	0.04	0.04	0.06	-0.03	0.79
<b>Variância</b>	0.20	0.36	0.42	0.47	0.53	0.58	0.62	0.66	0.69	0.71	-

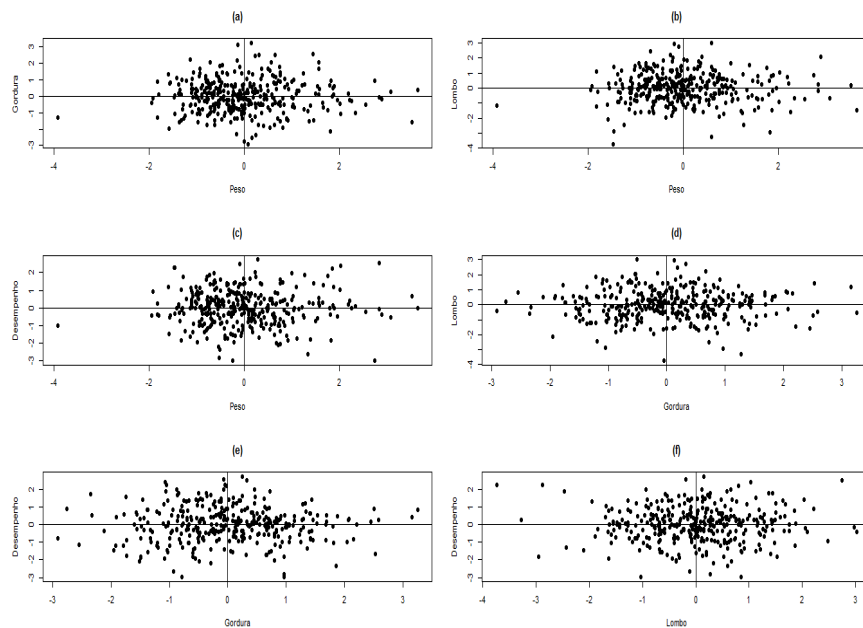


Figura 1 - Gráficos de dispersão entre os escores dos fatores interpretáveis encontrados.

Após a identificação e estimação dos escores para cada fator, as variáveis latentes podem ser utilizados em análises posteriores, como por exemplo, na identificação de QTL's (Silva et al., 2011). Outra análise interessante, que pode fazer uso das variáveis latentes (interpretáveis) obtidas neste estudo é a aplicação em seleção genômica ampla (SGA). Tal análise, que será realizada posteriormente, possibilita a inserção de informações genômicas na predição do mérito genético do animal visando a posterior seleção dos mesmos. Nessa abordagem a seleção dos animais seria realizada levando em conta um grupo de variáveis e não apenas em uma única variável, como é rotineiramente apresentado na literatura. Para exemplificar a utilização de variáveis latentes na SGA, podemos citar o estudo realizado por AZEVEDO et al. (2013), em que foram estimados individualmente os méritos genéticos de sete características fenotípicas, são elas: espessuras de toucinho medidas imediatamente após a última costela na linha dorso-lombar (ETUC); a 6,5 cm da linha dorso-lombar (ETO); entre a última e a penúltima vértebra lombar (ETUL); menor espessura na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar (ETL); espessura de bacon (EBACON); comprimento de carcaça pelo método de classificação americano (MLC) e rendimento de carcaça (RCARC). No contexto da análise de fatores, e com os resultados aqui obtidos, poderíamos estimar seis dessas sete variáveis por meio apenas do segundo fator ("gordura"), ou seja, o mérito genético obtido para tal fator é altamente correlacionado com aqueles obtidos para seis

variáveis fenotípicas de interesse, de modo a simplificar a interpretação dos resultados e possibilitar a seleção destas variáveis simultaneamente.

## Conclusões

A análise de fatores conseguiu reduzir as 41 características inicialmente avaliadas para apenas 10 fatores, sendo estes com um percentual satisfatório de variabilidade explicada. Dos 10 fatores criados, 4 apresentaram interpretação prática, agrupando um total de 28 variáveis nos fatores relacionados ao peso (14 variáveis), gordura (7 variáveis), lombo (3 variáveis) e desempenho (4 variáveis).

## Agradecimentos

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Fundação Artur Bernardes (FUNARBE) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), por concessão de bolsas.

TEIXEIRA, F. R. F.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; PAIXÃO, D. M.; AZEVEDO, C. F.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; LOPES, P. S.; GUIMARÃES, S. E. F. Determination of factors on pig traits. *Rev. Bras. Biom.*, São Paulo, v.33, n.2, p.130-138, 2015.

- **ABSTRACT:** *This work aimed to use factor analysis to verify the structure of variability of variables considered commercially important in pigs, to reduce the information contained in such variables on latent variables (factors). The data used in this study are from the Breeding Swine Farm of the Department of Animal Science, Federal University of Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais and refer to 41 phenotypic variables considered commercially important, measured in an F2 population of 345 pigs obtained by crossing animals from Piau breed with commercial animals. Set of 10 factors, 4 had practical interpretation, grouping a total of 28 variables on the factors related to weight (14 variables), fat (7 variables), loin (3 variables) and performance (4 variables).*
- **KEYWORDS:** *Animal breeding; factor analysis; reduced dimensionality.*

## Referências

AZEVEDO, C. F.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; Lopes, P. S.; GUIMARÃES, S. E. F. Regressão via componentes independentes aplicada à seleção genômica para características de carcaça em suínos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.48, n.6, p.619-626, 2013.

FERREIRA, D. F. *Estatística Multivariada*. 2.ed. Lavras: Ed. UFLA, 2011. 675p.

FIGUEIREDO FILHO, D. B; JÚNIOR, J. A. S. Visão além do alcance: uma introdução à análise fatorial. *Opinião Pública*, Campinas, v.16, n.1, p.160-185, 2010.



HAIR, Jr; BLACK, W. C; BABIN, B. J; ANDERSON, R. E; TATHAM, R. L. *Multivariate Data Analysis*. 6.ed. Upper Saddle River, NJ: Pearson Prentice Hall, 2006. 889p.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. *Applied Multivariate Statistical Analysis*. New Jersey: Prentice Hall, 2007. 773p.

MAPA. *Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*. 2014. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/animal/especies/suinos>>. Acesso em: Nov. 2014.

PAIXÃO, D. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PAIVA, S. R.; SOUSA, K. R. S.; VERARDO, L. L.; BRACCINI NETO, J. ; PINTO, A. P. G.; HIDALGO, A. M.; NASCIMENTO, C. S.; PÉRISSÉ, I. V.; LOPES, P. S.; GUIMARÃES, S. E. F. Mapeamento de QTL nos cromossomos 1, 2, 3, 12, 14, 15 e X em suínos: características de carcaça e qualidade de carne. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.64, n.4, p.974-982, 2012.

PALLANT, J. *SPSS Survival Manual: A Step By Step Guide to Data Analysis Using SPSS (Version 15)*.3.ed. Maidenhead: Open University Press, 2007. 352p.

PINHEIRO, V. R.; SILVA, F. F.; GUIMARÃES, S. E. F; RESENDE, M. D. V.; LOPES, P. S.; CRUZ, COSME DAMIÃO; AZEVEDO, C. F. Mapeamento de QTL para características de crescimento de suínos por meio de modelos de regressão aleatória. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.48, n.2 p.190-196, 2013.

SILVA, F. F; ROSA, G. J. M; GUIMARÃES; S. E. F; LOPES, P. S; CAMPOS, G. Three-step Bayesian factor analysis applied to QTL detection in crosses between outbred pig populations. *Livestock Science*, v.142, p.210-215, 2011.

SILVA, N. C. N.; FERREIRA, W. L.; CIRILLO, M. A.; SCALON, J. D. Uso da análise fatorial na descrição e identificação dos perfis característicos de municípios de Minas Gerais. *Revista Brasileira de Biometria*, São Paulo, v.32, n.2, p.201-215, 2014.

USDA. United States Department of Agriculture.2014.Disponível em: <<http://www.abipecs.org.br/pt/estatisticas/mundial/producao-2.html>>. Acesso em: nov.2014.

Recebido em 21.11.2014

Aprovado após revisão em 06.04.2015