

PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESOS CORPORAIS EM CODORNAS DE CORTE UTILIZANDO ANÁLISES UNICARACTERÍSTICAS

LUIZ VIRGILIO DE ASSUMPÇÃO XAVIER FILHO¹; JERUSA MARTINS
GERMANO DE ASSUMPÇÃO²; ARIANE GONÇALVES GOTUZZO²; RAQUEL
PILLON DELLA-FLORA²; DARILENE URSULA TYSKA²; NELSON JOSÉ
LAURINO DIONELLO³

¹ UFPel, cabanhasinuelo@hotmail.com

² UFPel, jerusa-mg@hotmail.com; arianegotuzzo@yahoo.com.br; quelpillon@yahoo.com.br;
darilenetyska@gmail.com;

³ UFPel, dionello@ufpel.edu.br

1. INTRODUÇÃO

Atualmente, o melhoramento genético é a principal ferramenta utilizada na cadeia produtiva de aves de corte. Seu uso é o principal responsável pela grande evolução da avicultura de corte e postura e está relacionado ao manejo, ambiência, nutrição e biossegurança e em conjunto, os programas de seleção são capazes de maximizar a expressão genética dos animais no ambiente real de produção (TEIXEIRA, 2011).

Semelhante a isto e trabalhando com codornas de corte, várias instituições de ensino superior como a UFPel deram início a programas de melhoramento genético dessas aves, pois as características de importância econômica de cada linhagem e de seus cruzamentos necessitam de constantes acompanhamentos.

Estes programas necessitam de um acompanhamento constante das características de importância econômica de cada linhagem. A partir destes estudos é que os critérios de seleção são estabelecidos para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior (DIONELLO et al., 2008). Dessa forma, objetivou-se com este estudo estimar os parâmetros genéticos e herdabilidades para pesos corporais de 15 gerações sucessivas de codornas de corte, através de análise unicaracterística.

2. METODOLOGIA

As estimativas dos componentes de variâncias genéticas aditivas e residuais foram realizadas por meio do sistema computacional MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model) (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1995), que permite a Inferência Bayesiana, usando amostrador de Gibbs, aplicado ao modelo animal. Ele utiliza o método iterativo de Gauss-Seidel nas equações de modelos mistos para obter um valor inicial para os efeitos fixos e aleatórios a serem usados no Amostrador de Gibbs. Na implementação da amostragem de Gibbs foram utilizadas 50.000 iterações, pelo fato de se ter o conhecimento das estimativas *a priori*, obtidas pela metodologia REML, com descarte inicial de 20.000 iterações para o período de aquecimento da cadeia de Gibbs e intervalo de retirada de 100 iterações, gerando um total de 300 amostras dos componentes de variância.

Os parâmetros genéticos foram estimados empregando modelos uni característica, para as sete características de pesos corporais a um, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade. Obtiveram-se 8130 pedigrees avaliados ao final das quinze gerações. O modelo animal utilizado levou em consideração os efeitos

fixos de grupos contemporâneos (geração e sexo) e os efeitos genéticos aditivos e residuais como aleatórios. O modelo matricial foi $y = X\beta + Z\alpha + e$, onde y é o vetor de pesos corporais nas idades de um até 42 dias; β , α , e e foram os vetores de efeitos fixos, genéticos diretos e de resíduos; X e Z foram as matrizes de incidência dos efeitos fixos e genéticos diretos. Após as análises foram obtidas as interações, bem como, a distribuição das médias *a posteriori* para as herdabilidades obtidas, para verificação do grau de convergência obtido, que estará relacionado com a precisão das estimativas.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As variâncias genéticas aditivas (σ^2_a) estimadas (Tabela 1) aumentaram consideravelmente em função da idade, chegando a 398,84 (PC42). Este resultado apresentou-se 10% abaixo do relatado por DIONELLO et al. (2008) que encontraram valores de variância genética de 450,38 para peso corporal aos 42 dias de idade.

Tabela 1. Valores encontrados para as variâncias e herdabilidades com seus respectivos erros padrões

	PC1	PC7	PC14	PC21	PC28	PC35	PC42
σ^2_a	0,53 ± 0,00	14,77 ± 0,06	58,7 ± 0,31	137,92 ± 0,72	226,70 ± 1,24	346,93 ± 1,81	398,84 ± 2,40
σ^2_e	0,54 ± 0,00	28,36 ± 0,05	129,66 ± 0,24	268,42 ± 0,50	456,36 ± 0,89	568,43 ± 1,23	851,75 ± 1,64
σ^2_p	1,07 ± 0,00	43,13 ± 0,05	188,35 ± 0,22	406,34 ± 0,50	683,06 ± 0,87	915,36 ± 1,16	1250,59 ± 1,65
h^2	0,49 ± 0,00	0,34 ± 0,00	0,31 ± 0,00	0,33 ± 0,00	0,33 ± 0,00	0,38 ± 0,00	0,32 ± 0,00

σ^2_a = variância genética aditiva, σ^2_e = variância de ambiente, σ^2_p = variância fenotípica, h^2 =herdabilidades

As variâncias de ambiente (σ^2_e) foram crescentes e altas ao longo das diversas pesagens, obtendo-se 851,75 para o PC42. BONAFÉ (2008) relatou valores menores que representaram menos de 50% do que os aqui obtidos, ao trabalhar com duas linhagens de codornas de corte, estimativas essas que foram de 0,33 a 290,30 para a linhagem UFV1 e 0,33 a 288,30 para a linhagem UFV2 de codornas de corte.

As variâncias fenotípicas (σ^2_p) apresentaram-se com comportamento crescente ao longo da curva de crescimento, especialmente devido ao aumento dos pesos corporais com a idade. Esses resultados concordam com outros autores, que em trabalhos semelhantes, obtiveram as variâncias crescentes com o aumento da idade (DIONELLO et al., 2008, BONAFÉ et al., 2011 e WINTER, 2005).

As estimativas para herdabilidades, de um modo geral, foram de médias a altas no decorrer das idades avaliadas, apresentando-se decrescentes do nascimento aos 14 dias, crescente dos 14 aos 35 dias e decrescendo novamente após os 35 dias, sendo que resultados semelhantes foram encontrados por BONAFÉ et al. (2011).

GERMANO et al. (2012b) encontraram resultados semelhantes ao obterem herdabilidades, utilizando Modelos de Regressão Aleatória, de 0,42 (PC1) e 0,38 (PC2), indicando que a seleção teria sucesso se realizada até os 14 dias de idade. Em outro trabalho, GERMANO et al. (2012a), ao compararem as metodologias frequentista e a Bayesiana encontraram herdabilidade de 0,49, especificamente para peso corporal ao nascimento em ambas metodologias.

Esses resultados são diferentes dos encontrados por DIONELLO et al. (2008) que ao avaliarem o grupo genético EV1, da Universidade Federal de Minas Gerais, estimaram herdabilidades crescentes para os pesos a um, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade de 0,01, 0,05, 0,18, 0,28, 0,38, 0,45 e 0,50, respectivamente, avaliando codornas de corte. As crescentes herdabilidades e as variabilidades genéticas encontradas indicam que a seleção para o grupo genético EV1 para pesos corporais poderia ser realizada com sucesso.

Como a melhor herdabilidade foi para a característica peso a um dia de idade está apresentado na Figura 1 o histórico das iterações, bem como, a distribuição das médias *a posteriori* para a herdabilidade nesta idade.

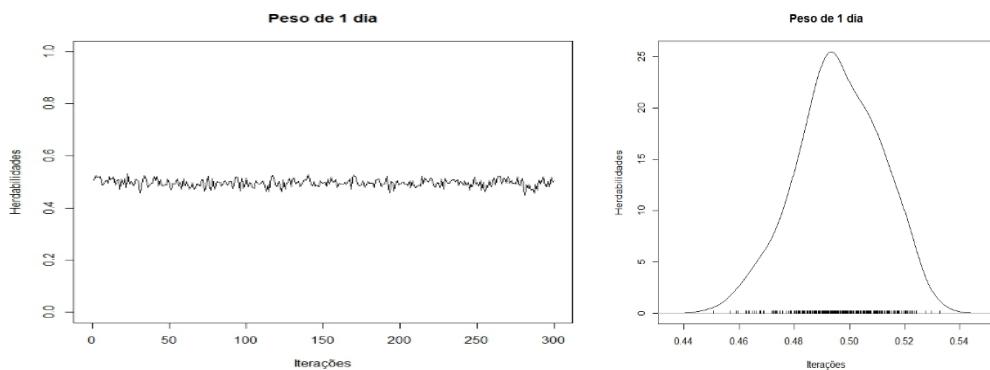


Figura 1. A esquerda, histórico das iterações e a direita distribuição das médias *a posteriori* da herdabilidade para o peso corporal a um dia de idade

Podem-se notar as densidades marginais *a posteriori* aproximando-se de uma distribuição normal, embora com uma leve assimetria dos valores em sua distribuição em torno da média, para esta idade. SILVA et al. (2005) referem-se a este fato como sendo um indicativo da convergência da cadeia amostral e de uma análise acurada, ou seja, precisa.

4. CONCLUSÕES

Pode-se concluir que a característica peso a um dia de idade se apresenta com herdabilidade importante para que seja usada como critério de seleção.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BONAFÉ, C.M. **Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. 2008. 58f. Diss. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2008.

BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.T.; SARMENTO, J.L.R.S. et al. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, n.4, p.765-771, 2011.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo de Medicina Veterinária e Zootecnia**. Belo Horizonte, v.60, n.2, p. 454-460. 2008.

GERMANO, J.M.; DIONELLO, N.J.L.; DELLA-FLORA, R. et al. Nove gerações de seleção: comparação entre metodologias para obtenção de estimativas genéticas para pesos corporais em codornas de corte. In: **21 CIC/ 4 Mostra Científica**, 2012, Pelotas. **Anais...** Pelotas: Editora da UFPel, 2012a. v.21. p.1 – 3

GERMANO, J.M.; DIONELLO, N.J.L.; DELLA-FLORA, R.; et al. Variâncias de efeitos genéticos aditivos e permanentes, e herdabilidades para pesos corporais de codornas de corte In: Zootec 2012, 2012, Cuiabá. **Anais ...** Cuiabá: editora da UFMT, 2012b. p.1 - 1

SILVA, J.A.V.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.5, p.1568-1572, 2005.

TEIXEIRA, B.B.. **Estudo genético da produção de ovos em codornas de corte por meio de análises multicaracterísticas e regressão aleatória**. 2011. 38f. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Federal de Viçosa.

Van TASSELL, C.P.; Van VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance components estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 86p.

WINTER, E.M.W. **Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, carcaça e composição corporal de codornas para corte (Coturnix sp.)**. 2005. 91f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Curso de Pós-graduação Universidade Federal do Paraná, PR.em Zootecnia.