

METODOLOGIAS PARA ESTIMAR PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESOS CORPORAIS EM CODORNAS DE CORTE

JERUSA GERMANO¹; RAQUEL DELLA-FLORA²; ARIANE GOTUZZO³;
 DARILENE TYSKA⁴; LUIZ VIRGILIO XAVIER FILHO⁴; NELSON JOSÉ LAURINO
 DIONELLO⁵

¹Zootecnista/UFPel. Email: Jerusa-mg@hotmail.com

²Doutoranda do PPGZ/UFPel. Email: quelpillon@yahoo.com.br

³Mestranda do PPGZ/UFPel. Email: arianegotuzzo@yahoo.com.br

⁴Graduandos em Zootecnia/UFPel. Email: darilenetyska@gmail.com /
cabanhasinuelo@hotmail.com

⁵Orientador PPGZ/UFPel, bolsista de produtividade do CNPq. Email: dionello@ufpel.edu.br

1. INTRODUÇÃO

O mercado consumidor está cada vez mais exigente quando o assunto é qualidade alimentar. A demanda por carne de melhor qualidade justifica o crescimento expressivo da produção de carne de codorna, que além de apresentar um sabor bastante apreciado e diferenciado, possui baixa quantidade de gordura e é rica em proteína e aminoácidos.

Para que haja sucesso na criação dessas aves, é necessária a escolha do material genético adequado às condições de criação, permitindo que o animal expresse toda a sua capacidade de produção. O Brasil não dispõe de material genético de codornas, tanto para a produção de ovos como para a produção de carne, e ambos os sistemas de produção ficam na dependência de matrizes importadas (DIONELLO *et al.*, 2008). Visando modificar esta situação, tem sido propostos modelos que são utilizados para mensurar as relações entre características no melhoramento animal, especialmente as que podem ser mensuradas várias vezes durante a vida de um animal sendo consideradas como dados longitudinais, a exemplo do peso corporal, produção de leite, ingestão de alimentos e produção de ovos (SILVA, 2010).

Dessa forma, objetivou-se com este estudo estimar os parâmetros genéticos para pesos corporais de 11 gerações sucessivas de codornas de corte, comparando os métodos: modelos de regressão aleatória e o multicaracterística a fim de verificar qual melhor metodologia a ser utilizada.

2. METODOLOGIA

Foram utilizados 37.401 registros de 6.260 codornas de corte, provenientes de onze gerações sucessivas. Para obtenção de cada geração, as aves foram pesadas individualmente, semanalmente, do nascimento até o 42º dia de idade e mantidas com controle de *pedigree*. As aves avaliadas são oriundas de uma linhagem desenvolvida pelo Departamento de Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, cedidas como ovos férteis com *pedigree*, e incubados no Laboratório de Ensino e Experimentação Zootécnica Prof. Dr. Renato Rodrigues Peixoto, do Departamento de Zootecnia, da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas.

Visando a seleção, a principal característica observada foi o peso corporal, o qual foi avaliado no primeiro dia e aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de vida das codornas, fazendo-se a seleção aos 42 dias de idade.

Os componentes de (co)variância foram estimados empregando modelos multicaracterística e de regressão aleatória pelo método de máxima

verossimilhança restrita, utilizando o programa estatístico WOMBAT (MEYER, 2006). Para as análises, em ambos os modelos, utilizou-se um modelo animal, com as sete características de pesos corporais, P1, P7, P14, P21, P28, P35 e P42. O modelo multicaracterística (MMC) pode ser descrito, matricialmente da seguinte forma: $y = X\beta + Z_1d + e$. O modelo de regressão aleatória (MRA) pode ser descrito, matricialmente da seguinte forma: $y = X\beta + Z_1d + Z_2ap + e$.

Em que: y = vetor de observações; X = matriz de incidência dos efeitos fixos; β = vetor de efeitos fixos; Z_1 = matrizes de incidência dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; Z_2 = matriz de incidência aos efeitos aleatórios, genéticos aditivos diretos e de ambiente permanente; d = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; ap = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente; e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As correlações genéticas (Tabela 1) entre os pesos nas várias idades em ambas as metodologias foram altas e positivas, à exceção das correlações entre o peso ao nascer e os demais pesos corporais, o que sugere que a seleção não deve ser realizada com base no peso ao nascimento. A partir do 7º dia de idade, as correlações genéticas entre os pesos corporais foram altas e positivas, indicando que já se pode admitir a seleção a partir desta idade. No MRA a maior correlação genética (0,99) foi obtida entre P7 e P14 e no MMC a maior correlação genética (0,97) foi obtida entre P21 e P28 e entre P35 e P42, sugerindo que a seleção nesse período pode ser eficiente. As demais correlações genéticas (MRA) entre P14 e P21, P21 e P28, P28 e P35, P35 e P42 (0,98; 0,97; 0,96; 0,96 respectivamente) e para MMC entre P7 e P14, P14 e P21, P28 e P35 (0,91; 0,94; 0,95 respectivamente) também foram altas. Os valores obtidos assemelham-se aos descritos por GONÇALVES *et al.* (2012), que encontraram uma correlação mediana para pesos corporais entre o peso ao nascer e os demais pesos corporais e uma alta correlação para os demais pesos ao utilizar MRA. As correlações de ambiente permanente e residual (Tabela 1), de um modo geral, apresentaram-se bastante semelhantes às correlações genéticas.

Tabela 1. Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente permanente para MRA e residual para MMC (abaixo da diagonal) entre os pesos nas idades estudadas para codornas de corte obtidas pelo MRA, com variâncias residuais heterogêneas e MMC (entre parênteses)

	P1	P7	P14	P21	P28	P35	P42
P1	-	0,47±0,04 (0,44±0,04)	0,43±0,05 (0,39±0,05)	0,43±0,05 (0,37±0,05)	0,41±0,05 (0,35±0,05)	0,37±0,05 (0,34±0,05)	0,30±0,05 (0,31±0,05)
P7	0,99±0,96 (0,27±0,02)	-	0,99±0,00 (0,91±0,01)	N/C (0,81±0,03)	0,83±0,02 (0,68±0,04)	N/C (0,54±0,05)	0,39±0,05 (0,47±0,06)
P14	0,96±0,95 (0,18±0,02)	0,99±0,00 (0,72±0,01)	-	0,98±0,00 (0,94±0,01)	0,90±0,01 (0,86±0,02)	0,73±0,03 (0,74±0,03)	0,52±0,05 (0,63±0,05)
P21	0,43±0,05 (0,16±0,02)	N/C (0,62±0,01)	0,98±0,00 (0,82±0,01)	-	0,97±0,00 (0,97±0,00)	N/C (0,86±0,01)	0,68±0,04 (0,78±0,03)
P28	0,70±0,68 (0,14±0,02)	0,80±0,01 (0,49±0,01)	0,88±0,01 (0,68±0,01)	0,96±0,00 (0,83±0,01)	-	0,96±0,01 (0,95±0,00)	0,84±0,02 (0,88±0,02)
P35	0,42±0,40 (0,11±0,02)	N/C (0,40±0,02)	0,67±0,01 (0,56±0,02)	N/C (0,72±0,01)	0,94±0,00 (0,80±0,01)	-	0,96±0,01 (0,97±0,01)
P42	0,10±0,12 (0,07±0,02)	0,25±0,02 (0,26±0,02)	0,39±0,02 (0,34±0,02)	0,57±0,02 (0,45±0,02)	0,78±0,01 (0,50±0,02)	0,95±0,00 (0,60±0,02)	-

P = pesos corporais ao nascimento, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, respectivamente. N/C= não calculado

Os valores encontrados para as variâncias e herdabilidades podem ser observados na Tabela 2. A variância genética aditiva estimada para as duas metodologias foi crescente, aumentando consideravelmente do nascimento até os 42 dias de idade, chegando no P42 a 370,48 (MMC) e 550,10 (MRA). Estes resultados foram semelhantes ao relatado por DIONELLO *et al.* (2008) que encontraram valores de variância genética de 450,38 para peso corporal aos 42 dias de idade, e superior ao encontrado por GONÇALVES *et al.* (2012).

As variâncias de ambiente permanente em ambas as metodologias foram altas ao longo das diversas pesagens, obtendo-se no MRA componente de ambiente (c^2) de 0,67 (P7) e 0,57 (P35), e no MMC de 0,66 (P7) e 0,55 (P35), concordando com valores encontrados por GERMANO *et al.* (2012) que estimaram aos 7 e 35 dias, respectivamente 0,61 e 0,58.

Houve um aumento na variância fenotípica (σ_p^2) em relação à idade dos animais, tanto para as análises MMC quanto no MRA. Esse aumento foi atribuído, principalmente, à progressão da variância genética aditiva (σ_a^2), ao longo da curva de crescimento, e também, pelo fato de que em idades mais elevadas, os pesos normalmente são de maior magnitude. Resultados semelhantes foram encontrados por MARQUES *et al.* (1999), que ao trabalharem com animais da raça Simental, em modelos multicaracterísticas, observaram estimativas de variâncias genética aditiva crescentes.

De um modo geral, os dois modelos apresentaram os valores de herdabilidades decrescente entre P1 e P42, sugerindo que o melhor momento para seleção seria nas idades mais jovens. As estimativas para herdabilidades foram decrescentes do P1 ao P14, variando de 0,41(1 dia) a 0,24 (14 dias) no MRA e de 0,48 (1 dia) a 0,33 (14 dias) no MMC aumentando no P21 e voltando a cair no P42, sendo a maior estimativa encontrada ao nascimento (0,41) e (0,48) respectivamente. GERMANO *et al.* (2012) encontraram resultados semelhantes ao relatar herdabilidade, utilizando o MRA, de 0,42 (P1) e 0,38 (P2), indicando que a seleção teria sucesso se realizada até os 14 dias de idade. Estes resultados discordam dos encontrados por WINTER (2005) que verificou em codornas de corte, herdabilidades crescentes para peso aos 7, 14, 28 e 42 dias, de 0,25; 0,43; 0,53; 0,62; respectivamente e de SAATCI *et al.* (2006), que ao analisarem dados usando um modelo de características múltiplas, encontraram herdabilidades baixas até os 14 dias de idade, sendo superiores nas demais idades.

Tabela 2. Variâncias e herdabilidades e respectivos erros padrões dos pesos corporais de codornas de corte obtidas pelo MRA e MMC (entre parênteses)

	P1	P7	P14	P21	P28	P35	P42
σ_a^2	0,46±0,03 (0,52±0,03)	23,42±1,8 (13,92±1,27)	77,28±5,99 (61,13±5,87)	136,95±10,72 (138,09±13,11)	203,91±16,7 (242,95±22,56)	306,52±27,33 (375,67±33,19)	500,10±48,56 (370,48±39,29)
σ_c^2	0,04±0,08 (0,56±0,02)	49,43±1,43 (27,59±0,91)	159,78±4,67 (125,51±4,22)	266,79±8,16 (251,42±9,05)	372,41±12,4 (386,62±14,91)	546,08±20,33 (456,69±20,37)	924,72±36,52 (816,02±28,83)
σ_p^2	1,13±0,02 (1,09±0,02)	73,49±1,56 (41,51±0,94)	322,54±5,45 (186,63±4,28)	545,19±9,46 (389,51±9,25)	752,66±14,01 (629,58±15,49)	966,38±21,32 (832,36±21,81)	2049,5±41,71 (1186,51±28,36)
c^2	0,04±0,07 (0,52±0,02)	0,67±0,02 (0,66±0,03)	0,50±0,02 (0,67±0,03)	0,49±0,02 (0,64±0,03)	0,50±0,02 (0,61±0,03)	0,57±0,02 (0,55±0,03)	0,45±0,02 (0,69±0,03)
h^2	0,41±0,02 (0,48±0,02)	0,32±0,02 (0,33±0,03)	0,24±0,02 (0,33±0,03)	0,25±0,02 (0,35±0,03)	0,27±0,02 (0,37±0,03)	0,32±0,02 (0,45±0,03)	0,24±0,02 (0,31±0,03)

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_c^2 = variância de ambiente permanente; σ_p^2 = variância fenotípica; c^2 = componente de ambiente e h_a^2 = herdabilidade genética aditiva. P = pesos corporais ao nascimento, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, respectivamente

4. CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade para as características estudadas apresentaram comportamento decrescente ao longo da curva de crescimento dos animais, portanto, maiores ganhos genéticos podem ser obtidos ao selecionar as aves mais jovens. As correlações genéticas obtidas entre os pesos nas diferentes idades analisadas, de modo geral, foram altas e positivas a partir de 7º dia de idade indicando que já se pode admitir a seleção a partir desta idade.

Ambos os métodos são eficientes em estimar parâmetros genéticos de codornas de corte.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

GERMANO, J.M.; DIONELLO, N.J.L.; LOURENÇO, L.A.; DELLA-FLORA, R.; XAVIER FILHO, L.V.A.; LACERDA, V.; CARRILOS, S.; GOTUZZO, A.G. Variâncias de efeitos genéticos aditivos e permanentes, e herdabilidades para pesos corporais de codornas de corte. In: XXII CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 2012, Cuiabá-MT. **Anais... Zootec 2012 – A Importância da Zootecnia para Segurança Alimentar**, 2012.

GONÇALVES, F.M.; DRUMOND, E.S.C.; BALLOTIN, L.M.V.; MIRANDA, J.A.; PIRES, V.; PEREIRA, I.G. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. In: IX SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL. **Anais... Simpósio de melhoramento animal**, João Pessoa, 2012.

MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. et al. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.51, p.363-370, 1999.

MEYER, K. "Wombat"- a program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. University of New England. Armidale, Australia. 2006. 66p.

SAATCI, M.; OMED, H.; DEWI, I.Ap. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.85, p. 185-190, 2006.

SILVA, L. P. **Avaliação genética do crescimento de codornas de corte em esquemas alternativos de pesagens**. Viçosa-MG. Universidade Federal de Viçosa, 2010. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 2010.

WINTER, E. M. W. **Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, carcaça e composição corporal de codornas para corte (*Coturnix sp.*)** Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2005. 91p. Dissertação (Mestrado em Genética) Universidade federal do Paraná, 2005.