



## Parâmetros genéticos e fenotípicos para características de desempenho e de carcaça em linhagem macho de frangos<sup>1</sup>

Jane Lara Brandani Marques Grosso<sup>2</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>3</sup>, Júlio Cesar de Carvalho Balieiro<sup>4</sup>, Elisângela Chicaroni de Mattos<sup>5</sup>, Andrezza Maria Felício<sup>6</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>7</sup>, Tércio Michelan Filho<sup>8</sup>

<sup>1</sup>Parte da dissertação de mestrado da primeira autora, financiada pela FAPESP

<sup>2</sup>Mestranda do Programa de Pós-graduação em Zootecnia - USP/Pirassununga. Bolsista FAPESP. e-mail: [janelaragrosso@usp.br](mailto:janelaragrosso@usp.br)

<sup>3</sup>Professor Titular do Departamento de Ciências Básicas - FZEA - USP/Pirassununga. e-mail: [joapeler@usp.br](mailto:joapeler@usp.br)

<sup>4</sup>Professor Doutor do Departamento de Ciências Básicas - FZEA - USP/Pirassununga. e-mail: [balieiro@usp.br](mailto:balieiro@usp.br)

<sup>5</sup>Analista de Sistemas do Departamento de Ciências Básicas - FZEA - USP/Pirassununga. e-mail: [limattos@usp.br](mailto:limattos@usp.br)

<sup>6</sup>Mestranda do Programa de Pós-graduação em Zootecnia - USP/Pirassununga. Bolsista FAPESP. e-mail: [andrezzafelicio@usp.br](mailto:andrezzafelicio@usp.br)

<sup>7</sup>Professor Titular do Departamento de Ciências Básicas - FZEA - USP/Pirassununga. e-mail: [jbferraz@usp.br](mailto:jbferraz@usp.br)

<sup>8</sup>Gerente de Produto - Aviagen<sup>TM</sup> do Brasil - Rio Claro/SP. e-mail: [tmichelan@aviagen.br](mailto:tmichelan@aviagen.br)

**Resumo:** O presente estudo teve por objetivo estimar os coeficientes de herdabilidade e de correlação genética e fenotípica das características de desempenho e de carcaça em uma linhagem de frangos. Dados de 24.056 aves pertencentes a uma linhagem macho de frangos foram utilizados para estimar parâmetros genéticos para peso vivo aos 43 dias (PV43), peso eviscerado (PEVIS), peso do peito (PPEI) e peso de pernas (PPER), utilizando-se o método de máxima verossimilhança restrita. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram: 0,23; 0,25; 0,40 e 0,31, respectivamente para PV43, PEVIS, PPEI e PPER. Os valores obtidos para os coeficientes de correlação genética entre todas as características foram positivos, variando de 0,26 a 0,96. Os coeficientes de correlação fenotípica variaram de 0,63 a 0,97. Conclui-se que aves com maior peso vivo aos 43 dias apresentam melhores atributos para as características de carcaça e que as estimativas de herdabilidade para todas as características analisadas indicam a existência de efeitos genéticos aditivos diretos na expressão das mesmas, capazes de apresentar satisfatório potencial de resposta à seleção.

**Palavras-chave:** avicultura, correlação genética, herdabilidade, melhoramento genético, modelo animal

### Genetic and phenotypic parameters for performance and carcass traits in a male broiler line

**Abstract:** The current research was conducted to estimate the heritability coefficients and the genetic and phenotypic correlation coefficients for performance and carcass traits in a male broiler line. Data of 24,056 chickens from a single sire broiler line were used to estimate genetic parameters for body weight at 43 days of age (BW43), eviscerated body weight (EVBW), breast weight (BRST) and leg weight (LEG), by restricted maximum likelihood method. The heritability estimates were: 0.23; 0.25; 0.40 and 0.31, respectively for BW43, EVBW, BRST and LEG. The values obtained for genetic correlation coefficients were positive between all traits and ranged from 0.26 to 0.96. Phenotypic correlation coefficients ranged from 0.63 to 0.97. The results suggest that the body weight at 43 days of age seems to be a close genetic relationship between the carcass traits and all the analyzed traits seem to indicate the existence of an additive genetic effect in the expression of these traits, capable to present satisfactory respond to selection.

**Keywords:** animal breeding, animal model, genetic correlation, heritability, poultry

### Introdução

Ao longo das últimas quatro décadas desenvolveu-se no Brasil um dos maiores e mais competitivos complexos agroindustriais - o da avicultura de corte. Toda essa evolução é devida ao intenso processo de seleção realizado e do uso de cruzamento entre raças que resultou na mudança de conceitos, originando linhagens específicas com características próprias. As aves destinadas à produção de carne, conhecidas como frangos, foram selecionadas principalmente para características de desempenho e de carcaça, o que proporcionou avanços em termos de taxa de crescimento e rendimento de carcaça e cortes dos animais. Para Campos & Pereira (1999), os pilares do desenvolvimento avícola foram assentados, de forma expressiva, na utilização de genética avançada, a qual buscou aves compatíveis com as exigências altamente competitivas dos mercados produtivo, industrial e consumidor.

Num programa de melhoramento genético, são fundamentais as estimativas dos parâmetros genéticos das características usadas como critérios de seleção. Segundo Campos & Pereira (1999), a

quantificação da variação genética das características, pela herdabilidade, e as associações genéticas entre diferentes características, pelas correlações genéticas, permitem estabelecer estratégias de melhoramento animal e monitoramento da variabilidade genética dos indivíduos da linhagem utilizada para várias características. A estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos em linhagens de frangos é condição imprescindível para definir e orientar os processos seletivos nas características economicamente importantes. Da mesma forma, esta estimação torna-se fundamental para avaliar a eficiência da seleção empregada nas gerações que compuseram essa linhagem e também a adequação da seleção às exigências atuais do mercado e da indústria.

Assim, o presente estudo teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos das características de desempenho e de carcaça, bem como avaliar as estimativas de correlações entre estas em uma linhagem macho de frangos.

### Material e Métodos

Foram utilizadas informações dos irmãos completos (*sib*) dos indivíduos de um rebanho elite de aves pertencentes a Aviagen<sup>TM</sup> do Brasil que possui um programa de seleção para composição de uma linhagem macho de frangos. Os indivíduos *sib* fazem parte de um programa denominado teste de irmãos (*sib test*) cuja finalidade é avaliar as características de carcaça, auxiliando no processo de seleção dos seus irmãos que darão origem a todas as aves da linhagem.

As informações coletadas dos indivíduos *sib* foram: peso vivo aos 43 dias (PV43), registrado no matadouro antecedendo o abate; peso eviscerado (PEVIS), correspondente ao peso da carcaça quente, eviscerada, sem pescoço e pés; peso do peito (PPEI), sendo o peito desossado e sem pele registrado após refrigeração da carcaça; e peso de pernas (PPER), correspondente ao peso da coxa mais a sobrecoxa com pele e ossos. A coleta dos dados de peso vivo e as informações de carcaça dos animais foi realizada no Matadouro Escola do Campus da Universidade de São Paulo em Pirassununga, São Paulo, no período de novembro de 2002 a dezembro de 2006.

As estatísticas descritivas foram calculadas pelo procedimento PROC MEANS do *Statistical Analysis System* (SAS INSTITUTE, 1999). A matriz de parentesco foi composta por 132.442 animais. As estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando-se o programa MTDFREML (*Multiple trait derivative-free restricted maximum likelihood*) desenvolvido por Boldman et al. (1993). Definiu-se como critério de convergência o valor de  $10^{-9}$  com dois reinícios consecutivos sem alteração do  $-2\Lambda$  na sexta casa decimal.

Utilizou-se o seguinte modelo matemático genérico nas análises uni-características:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e},$$

em que  $\mathbf{y}$  é o vetor das variáveis respostas (observações);  $\mathbf{X}$ , a matriz de incidência dos efeitos fixos;  $\mathbf{b}$ , o vetor dos efeitos fixos;  $\mathbf{Z}$ , a matriz de incidência dos efeitos aleatórios;  $\mathbf{u}$ , o vetor dos efeitos aleatórios de valor genético;  $\mathbf{e}$ , o vetor de efeitos do resíduo, NID ( $0, \sigma^2$ ) para cada variável resposta. O modelo genérico utilizado nas análises bi-características foi:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix},$$

em que  $\mathbf{y}_1$  é o vetor dos registros de medidas da característica 1;  $\mathbf{y}_2$  é o vetor dos registros de medidas da característica 2;  $\mathbf{b}_1$ , o vetor dos efeitos fixos para a característica 1;  $\mathbf{b}_2$ , o vetor dos efeitos fixos para a característica 2;  $\mathbf{u}_1$ , o vetor dos efeitos aleatórios de valor genético para a característica 1;  $\mathbf{u}_2$ , o vetor dos efeitos aleatórios de valor genético para a característica 2;  $\mathbf{X}_1(\mathbf{X}_2)$ , a matriz de incidência associando elementos de  $\mathbf{b}_1(\mathbf{b}_2)$  a  $\mathbf{y}_1(\mathbf{y}_2)$ ;  $\mathbf{Z}_1(\mathbf{Z}_2)$ , a matriz de incidência associando elementos de  $\mathbf{u}_1(\mathbf{u}_2)$  a  $\mathbf{y}_1(\mathbf{y}_2)$ ;  $\mathbf{e}_1(\mathbf{e}_2)$ , o vetor de efeitos do resíduo, NID ( $0, \sigma^2$ ) para cada variável resposta. Foram considerados como efeitos fixos o lote, o grupo de acasalamento dos pais e o sexo das aves. A importância destes efeitos foi determinada pelo procedimento PROC GLM do *Statistical Analysis System* (SAS INSTITUTE, 1999), tendo sido significativos ( $p < 0,0001$ ) para as características estudadas. Como efeito aleatório foi considerado o efeito genético aditivo direto para todas as características analisadas.

### Resultados e Discussão

Os dados de número de observações, média, desvio-padrão, coeficiente de variação e valores mínimo e máximo são ilustrados na Tabela 1.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade, de correlação genética e fenotípica entre as características avaliadas são apresentadas na Tabela 2. Os coeficientes de herdabilidade encontrados mostraram-se moderados, no entanto, indicando que as características analisadas podem apresentar uma resposta satisfatória à seleção. Estes resultados se assemelham aos obtidos por Gaya et al. (2006) que relataram valores de herdabilidade para peso vivo de 0,24 e para peso de pernas de 0,33. Entretanto, as

estimativas de herdabilidade obtidas por Argentão et al. (2002) para peso vivo (0,33) e para peso eviscerado (0,34) foram superiores às obtidas neste estudo. As correlações genéticas variaram de 0,26 (entre PPEI e PPER) a 0,96 (entre PV43 e PEVIS) e as fenotípicas variaram de 0,63 (entre PPEI e PPER) a 0,97 (entre PV43 e PEVIS). Considerando os coeficientes de correlação genética obtidos, observa-se que a seleção para qualquer uma das características pode levar à obtenção de resposta correlacionada nas demais. Argentão et al. (2002) relataram correlações genéticas de 0,77 entre peso vivo e peso do peito, 0,71 entre peso eviscerado e peso do peito e 0,59 entre peso do peito e peso de pernas, sendo, portanto, superiores às obtidas neste estudo (Tabela 2).

Tabela 1 Número de observações (N), média observada (MED), desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores de mínimo (MIN) e máximo (MAX) das características.

Característica <sup>a</sup>	N	MED (g)	DP (g)	CV (%)	MIN (g)	MAX (g)
PV43	24.056	2.739,80	389,26	14,21	1.218,00	4.085,00
PEVIS	24.001	1.934,22	284,99	14,73	798,00	2.882,00
PPEI	23.529	534,32	94,51	17,69	199,00	902,00
PPER	23.515	671,11	113,26	16,88	260,00	1.028,00

<sup>a</sup>PV43 = peso vivo aos 43 dias; PEVIS = peso eviscerado; PPEI = peso do peito; PPER = peso de pernas

Tabela 2 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade (na diagonal), de correlação genética (abaixo da diagonal) e fenotípica (acima da diagonal) para as características avaliadas.

	PV43	PEVIS	PPEI	PPER
PV43	<b>0,23</b>	0,97	0,78	0,86
PEVIS	0,96	<b>0,25</b>	0,84	0,90
PPEI	0,59	0,71	<b>0,40</b>	0,63
PPER	0,80	0,82	0,26	<b>0,31</b>

PV43 = peso vivo aos 43 dias; PEVIS = peso eviscerado; PPEI = peso do peito; PPER = peso de pernas

### Conclusões

O estudo das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos da linhagem macho de frangos analisada indica que não existem antagonismos importantes entre as características avaliadas e que estas podem apresentar satisfatório potencial de resposta à seleção. Estudos econômicos estão sendo conduzidos na mesma população com o objetivo de identificar a melhor combinação entre as características analisadas visando o maior lucro de acordo com as exigências dos mercados produtivo, industrial e consumidor. O peso vivo aos 43 dias mostra ser um bom indicador do mérito de carcaça a ser usado como um critério de seleção, tendo em vista as estimativas de correlações positivas e relativamente altas e herdabilidade de média magnitude.

### Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, pelo apoio financeiro, e à Aviagen<sup>TM</sup> do Brasil pelo fornecimento das aves.

### Literatura citada

- ARGENTÃO, C.; MICHELAN FILHO, T.; MARQUES, J.B. et al. Genetic and phenotypic parameters of growth and carcass traits of a male line of broilers raised in tropical conditions. In: CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Castanet – Tolosan: Organizing committee WCGALP, 2002. v.30, p.333-336.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.; VAN VLECK, L.D. et al. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1993. 120p.
- CAMPOS, E.J.; PEREIRA, J.C.C. Melhoramento genético das aves. In: PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEP-MVZ, 1999. p.284-314.
- GAYA, L.G.; FERRAZ, J.B.S.; REZENDE, F.M. et al. Heritability and genetic correlation estimates for performance and carcass and body composition traits in a male broiler line. **Poultry Science**, v.85, p.837-843, 2006.
- SAS INSTITUTE. **Statistical analysis systems user's guide**. Version 8. Cary: SAS Institute Inc., 1999. 1464p.