



ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE A CONVERSÃO ALIMENTAR E CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM LINHAGEM MACHO DE FRANGOS

ESTIMATES OF GENETIC CORRELATION BETWEEN FEED CONVERSION AND CARCASS TRAITS IN MALE LINE OF CHICKENS

José Teodoro de Paiva¹, Andréa Carolina Santos de Souza², Gerson Barreto Mourão³, José Bento Sterman Ferraz⁴, Tércio Michelan Filho⁵, Leila de Genova Gaya⁶

¹Mestrando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento-UFV, email: teo.paiva@hotmail.com

²Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Zootecnia- UESB

³Professor da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz-ESALQ/USP

⁴Professor da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos-FZEA/USP

⁵Aviagen do Brasil Ltda

⁶Professora da Universidade Federal de São João del-Rei-UFSJ

Introdução

Os resultados do melhoramento genético trouxeram impactos expressivos na dinâmica da cadeia produtiva de frangos, por meio do aperfeiçoamento de características de importância econômica. No que diz respeito às linhas macho de programas de melhoramento, a conversão alimentar recebe grande ênfase dentro de uma indústria de frangos.

A intensa pressão de seleção sobre as características relacionadas ao desempenho e carcaça permitiu um crescimento rápido destas aves, reduzindo os custos de produção e aumentando a lucratividade deste setor (Leeson & Summers, 2000). O conhecimento da associação entre caracteres quantitativos é de grande importância nos trabalhos de melhoramento genético, principalmente se a seleção de um caráter implica, por via indireta, na seleção de outros caracteres associados a esse (Van Vleck et al., 1987).

Dessa forma, a correlação genética é um dos parâmetros genéticos mais utilizados nos programas de melhoramento, sendo fundamental no estabelecimento das estratégias de seleção, com o intuito de obter ganhos genéticos e atender as demandas do consumidor. O objetivo deste trabalho foi estimar as correlações genéticas entre a conversão alimentar e características de carcaça em uma linhagem macho de frangos utilizando o método da máxima verossimilhança restrita (REML).

Material e Métodos

As análises foram realizadas a partir de um banco de dados pertencente a um programa de seleção de uma linhagem macho de frangos, desenvolvida no Brasil, cedido pelo grupo de Estudos em Melhoramento Animal e Biotecnologia da FZEA-USP. As características avaliadas foram a conversão alimentar (10.745 registros), peso de peito (15.808 registros), peso de gordura (11.816 registros), peso de coração (15.395 registros), peso de fígado (15.631 registros) e peso de moela (6.047 registros).

Utilizou-se os programas Visual Fox Pro[®] (Vidal, 1994) e Statistical Analysis System[®] (SAS Institute, 2008) para a edição dos dados, análises descritivas e avaliação dos efeitos fixos e covariáveis. Como efeito fixo foram utilizados grupos de contemporâneos, constituídos pelos efeitos de lote (mesmas condições de criação), sexo e idade da mãe à eclosão para todas as características, sendo excluídos os grupos que apresentavam menos de cinco animais. As covariáveis significativas incluídas nos modelos foram idade de abate e peso de abate para as características peso de peito (PPEI),



peso de gordura (GORD), peso de coração (COR), peso de fígado (FIG) e peso de moela (MOE).

O modelo estatístico utilizado nas análises bicaracterísticas foi: $Y = Xb + Zu + Wm + e$, em que Y é o vetor das variáveis dependentes; X , a matriz de incidência dos efeitos fixos; b , o vetor dos efeitos fixos; Z , a matriz de incidência do efeito aleatório genético aditivo direto; u , o vetor do efeito genético aditivo direto; W , a matriz de incidência do efeito genético aditivo materno; m , o vetor do efeito genético aditivo materno; e , o vetor de efeitos do resíduo. Para obtenção dos componentes de variância foi utilizado o método da Máxima Verossimilhança Restrita, por intermédio do software AIREMLF90 (Misztal et al., 2002). O critério de convergência assumido foi quando a variância da simplex alcançou 10⁻⁹.

Resultados e Discussão

As estimativas de correlações genéticas entre a conversão alimentar e as características de carcaça na linhagem estudada são apresentadas na Tabela 1. De modo geral, observa-se uma grande variação nas estimativas de correlações genéticas encontradas pelo método da máxima verossimilhança restrita, sendo obtidos valores de baixa a alta magnitude, e essas apresentaram uma associação positiva em todas análises.

Tabela 1 – Componentes de (co)variância e correlações genéticas da conversão alimentar (CA) e das características de carcaça em frangos

Característica	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_e	σ^2_{a1a2}	r_g
CA	277,54	68,25	118,73	-	-
PPEI	736,29	72,681	643,23	141,41	0,31
GORD	37,937	0,3949	51,561	0,8785	0,0086
COR	1,9476	0,2386	2,1121	5,5195	0,24
FIG	18,617	1,8197	27,657	43,267	0,59
MOE	19,996	3,460	27,005	20,09	0,27

σ^2_a = variância genética aditiva direta; σ^2_m = variância genética aditiva materna; σ^2_e = variância ambiental; σ^2_{a1a2} = covariância genética aditiva direta entre a característica 1 (CA) e a característica 2 (características de carcaça); r_g = correlação genética.

A correlação genética entre CA e PPEI foi de moderada magnitude (0,31), indicando que a seleção contra CA pode ser capaz de influenciar na expressão do peso de peito. Desse modo, aves que apresentam uma menor taxa de conversão alimentar tendem a possuir menor peso de peito, e isso não é favorável economicamente para a indústria avícola, uma vez que o peso de peito se trata de um corte nobre e com alta demanda e consumo no mercado. Gaya et al. (2006) também reportaram uma correlação genética positiva entre a conversão alimentar e peso de peito, porém de menor magnitude (0,10), corroborando o presente estudo. Enquanto Grosso (2011) apresentou resultado divergente, em que a magnitude da correlação foi de -0,01, indicando que houve uma associação praticamente nula entre estas variáveis. As diferenças entre a correlação genética obtida neste estudo e as encontradas na literatura deveram-se, possivelmente, a diferenças entre populações, modelos, linhagens e metodologias utilizados.

A estimativa de correlação genética encontrada entre CA e GORD na linhagem de frangos em estudo foi praticamente nula (0,0086), de modo que a expressão de uma característica não influencia na expressão da outra. Desse modo, a seleção genética contra a conversão alimentar pouco pode interferir na deposição de gordura abdominal, portanto,



os mecanismos genéticos envolvidos na deposição de gordura são independentes dos envolvidos na taxa de conversão alimentar nos indivíduos pertencentes a esta linhagem.

As características COR, FIG e MOE se apresentaram associadas geneticamente com a CA, nesta população de frangos em estudo, e a associação variou de moderada a alta magnitude. Assim, a seleção contra a conversão alimentar pode acarretar em menor peso de coração, peso de moela e peso de fígado, tendo em vista as estimativas de correlações genéticas encontradas pelo REML, que foram de 0,24, 0,27 e 0,59, respectivamente. Desta forma, estes resultados podem sugerir a ocorrência de problemas futuros no desenvolvimento dos animais, uma vez que a diminuição do tamanho relativo do coração pode levar à deficiência deste órgão em servir adequadamente a demanda tecidual de oxigênio. De acordo com Rance et al. (2002), é possível observar que, em termos relativos, todos os órgãos das aves vem diminuindo, dando espaço a uma maior deposição proteica. E ainda, segundo os autores, uma continuidade nesta diminuição prejudicará ainda mais a integridade fisiológica destes animais, de modo que a seleção artificial tem resultado em alterações no tamanho, na forma e na função dos órgãos das aves, entre eles o coração, o fígado e a moela, o que pode ser corroborado pelos resultados encontrados neste estudo.

Conclusões

Recomendam-se novos estudos de associação entre a conversão alimentar e as características peso de peito, peso de gordura, peso de coração, peso de fígado e peso de moela, a fim de se realizar um monitoramento mais seguro dos critérios de seleção utilizados sobre esta linhagem e de se reduzir os impactos para a indústria avícola.

Referências Bibliográficas

- GAYA, L.G. et al. Heritability and genetic correlations estimates for performance, carcass and body composition traits in a male broiler line. **Poultry Science**, v. 85, 2006.
- GROSSO, J.L.B.M. Proposição de índices de seleção em frangos de corte. 2011. 94f. Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.
- LEESON, S.; SUMMERS, J.D. **Broiler breeder production**. Guelph: University Books, 2000. 329 p.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 AND RELATED PROGRAMS (BGF90). 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Proceedings...**, Montpellier, France, 19-23, 2002.
- RANCE, K. A.; McENTEE, G. M.; McDEVITT, R. M. Genetic and phenotypic relationships between and within support and demand tissues in a single line of broiler chicken. **British Poultry Science**, v. 43, p. 518-527, 2002.
- SAS INSTITUTE. **Statistical analysis systems user's guide**. Version 9.2. Cary: SAS Institute Inc., 2008.
- VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B. **Genetics for the animal sciences**. New York: W. H. Freeman and Company, 1987.
- VIDAL, A.G.R. **FoxPro for Windows BÁSICO**. Rio de Janeiro: Editora LTC, 1994. 638p.