



COMPARAÇÃO ENTRE MODELOS PARA ESTIMAÇÃO DE HERDABILIDADE DO PESO DE PEITO EM LINHAGEM MACHO DE FRANGOS

COMPARISON OF MODELS TO ESTIMATE THE HERITABILITY OF BREAST WEIGHT 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

A indústria avícola apresentou um grande desenvolvimento nas últimas décadas, se destacando no mercado interno e externo da agroindústria. Esse avanço é decorrente, principalmente, do intenso processo de seleção realizado nos programas de melhoramento genético por intermédio de estudos dos parâmetros genéticos (Gaya et al., 2011).

Dentre as principais utilidades do emprego de estimativas de componentes de (co)variância em melhoramento animal destaca-se a estimação acurada do valor genético e dos parâmetros genéticos populacionais. A partir dos parâmetros genéticos, torna-se possível a descrição da estrutura genética de uma população e a compreensão dos mecanismos hereditários envolvidos na expressão de determinada característica. No entanto, os componentes de variância precisam ser estimados de forma acurada para que as diferenças entre o valor predito e o verdadeiro sejam minimizadas (Faria et al., 2008).

Neste contexto, é importante definir o melhor modelo estatístico a ser utilizado na estimação dos componentes de (co)variância da população. O objetivo deste trabalho foi estimar herdabilidades utilizando diferentes modelos mistos, com relação à inclusão de diferentes efeitos aleatórios, para a característica peso de peito em uma linhagem macho de frangos.

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. A característica avaliada foi o peso de peito(g) contendo 15.808 registros de animais no banco de dados.

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, sendo excluídos os grupos que apresentavam menos de cinco animais. Como covariáveis foram utilizadas a idade de abate e o peso de abate. Foram utilizados três diferentes modelos mistos, contendo o efeito fixo e os seguintes efeitos



aleatórios: modelo 1= efeito genético aditivo direto e residual; modelo 2= modelo 1 incluindo o efeito genético aditivo materno e modelo 3= modelo 2 incluindo o efeito de ambiente permanente materno.

O modelo estatístico completo utilizado nas análises foi: $Y = Xb + Zu + Wm + Vp + e$, 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; V , a matriz de incidência do efeito de ambiente permanente materno; p , o vetor do efeito ambiente permanente 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} . Para a escolha do modelo que melhor se ajustou aos dados foi utilizado o critério de informação de Akaike (AIC).

Resultados e Discussão

A média da característica peso de peito foi de 513,16 e desvio-padrão de 89,44. O coeficiente de variação foi de 17,43%, sendo, portanto, um indicativo da presença de variabilidade fenotípica na população de frangos em estudo. De acordo com os resultados apresentados na Tabela 1, em função do critério adotado (AIC), ao considerarem o efeito genético aditivo materno (modelo 2), ou este efeito acrescido do ambiente permanente materno (modelo 3), observou-se melhoria relevante no ajuste do modelo quando comparado com o modelo com ajuste apenas do efeito genético aditivo direto (modelo 1).

Tabela 1 – Valores do critério de informação de Akaike (AIC) nos diferentes modelos avaliados, estimativas dos componentes de variância e das herdabilidades para a característica peso de peito

Modelo	AIC	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	h^2_a	h^2_m
1	155.720,98	737,34	-	-	0,53	-
2	117.785,03	728,50	64,23	-	0,50	0,04
3	117.755,56	667,55	45,87	81,12	0,46	0,03

σ^2_a = variância genética aditiva direta; σ^2_m = variância genética aditiva materna; σ^2_{mpe} = variância ambiente permanente materna; h^2_a = herdabilidade direta; h^2_m = herdabilidade materna.

Com base no critério de AIC (Tabela 1), os melhores modelos para a característica peso de peito foram o modelo 2 e o modelo 3, pois apresentaram o menor valor de AIC. No entanto, pode-se observar que a inclusão do efeito de ambiente permanente materno (modelo 3) apresentou diferença para os valores dos componentes de variância genética aditiva direta quando comparado ao modelo 2, o que influenciou na estimativa da herdabilidade direta encontrada (0,46). Este valor foi menor que os encontrados para os demais modelos. Além disso, considerando ainda o modelo 3, observa-se que o componente de variância de ambiente permanente foi maior do que o componente de variância aditiva materna, entretanto, isso não teve efeito sobre a estimativa de herdabilidade materna, uma vez que não foi possível observar diferença relevante entre essa estimativa e a encontrada no modelo 2, em que não houve a inclusão do efeito de



ambiente permanente materno, o que pode ter ocorrido devido às baixas magnitudes dos componentes de variância aditiva materna encontrados em ambos os modelos (2 e 3).

As estimativas de herdabilidade direta encontradas foram de alta magnitude (0,53, 0,50 e 0,46), respectivamente, para os três modelos analisados, 1, 2 e 3, o que sugere uma grande variabilidade genética da característica atribuída ao efeito aditivo dos genes. Essas estimativas foram maiores do que as descritas por Grosso et al. (2010) e Felício et al. (2013), que apresentaram valores variando de 0,26 a 0,40, enquanto Baiany (2011) encontrou uma estimativa de herdabilidade direta ainda mais alta (0,74) do que o presente estudo.

As estimativas de herdabilidade materna encontradas nesta população de frangos em estudo foram de baixa magnitude (0,04 e 0,03), estando próximas de zero, demonstrando haver pouca variabilidade genética aditiva materna sobre a variância fenotípica. Valores baixos para as herdabilidades materna da característica peso de peito também foram reportados por Grosso et al. (2010), em uma população de frangos, que variaram de 0,06 a 0,14.

Conclusões

Recomenda-se a inclusão do efeito genético aditivo materno e do efeito de ambiente permanente materno no modelo de avaliação genética dessa linhagem macho de frangos com o intuito de obter estimativas mais acuradas dos componentes de variância para a característica peso de peito.

Referências Bibliográficas

- BAIANY, A.M. **Parâmetros genéticos de características de carcaça e de qualidade da carne de aves oriundas de cruzamento recíproco**. 2011. 63f. Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. 2011.
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; REYS, A. L.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Abordagem Bayesiana e Frequentista em análise genética tricaráter para crescimento e reprodução de bovinos Nelore. **Ciência Animal Brasileira**, v.9, 2008.
- FELÍCIO, A.M. et al. Heritability and genetic correlation estimates for performance, meat quality and quantitative skeletal muscle fiber traits in broiler. **Livestock Science**, v. 157, 2013.
- GAYA, L.G. et al. Estimates of heritability and genetic correlations for meat quality traits in broilers. **Scientia Agricola**, v. 68, p. 620-625, 2011.
- GROSSO, J.L.B.M.; BALIEIRO, J.C.C.; ELER, J.P. et al. Comparison of different models to estimate genetic parameters for carcass traits in a commercial broiler line. **Genetics and Molecular Research**, 9:908-918, 2010.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 AND RELATED PROGRAMS (BGF90). 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Proceedings...**, Montpellier, France, 19-23, 2002.
- SAS INSTITUTE. **Statistical analysis systems user's guide**. Version 9.2. Cary: SAS Institute Inc., 2008.
- VIDAL, A.G.R. **FoxPro for Windows BÁSICO**. Rio de Janeiro: Editora LTC, 1994. 638p.