

Estimativas de parâmetros genéticos para ganho de peso diário em codornas européias da linhagem EV1 utilizando modelo hierárquico bayesiano¹

Rodrigo Mezêncio Godinho², Luciana Salles Freitas⁴, Fabiana Ferreira³, Vivian Paula Silva Felipe³, Arthur Francisco de Araújo Fernandes², Martinho de Almeida e Silva⁵

¹Parte integrante do Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte da Escola de Veterinária da UFMG.

²Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – EV/UFMG, Bolsista da CAPES. e-mail: godinhorm@yahoo.com.br

³Doutorando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia – EV/UFMG, Bolsista do CNPq.

⁴Doutora em Zootecnia.

⁵Professor Associado - Departamento de Zootecnia - EV/UFMG. Bolsista do CNPq

Resumo: Este estudo foi realizado para obtenção de parâmetros genéticos para ganho de peso diário em codornas européias da linhagem EV1 por meio de modelo hierárquico bayesiano. Foram utilizadas informações de peso do nascimento aos 35 dias de idade de 372 codornas, nascidas no ano de 2011 e pertencentes ao programa de melhoramento genético do Departamento de Zootecnia/EV/UFMG. As médias dos componentes de variância genética aditiva e residual foram, respectivamente, 0,12 e 0,20. A herdabilidade para ganho de peso diário foi 0,37, o que indica que se trata de característica que apresenta alta resposta a programa de seleção. O modelo hierárquico bayesiano é eficiente em estimar parâmetros genéticos de codornas européias.

Palavras-chave: codorna européia, herdabilidade, modelo hierárquico bayesiano, programa de seleção

Genetic parameters estimates for daily weight gain in European quail of EV1 strain using hierarchical Bayesian model

Abstract: This study was carried out to estimate genetic parameters for daily weight gain in European quail of EV1 strain by hierarchical Bayesian model. Weight records from hatch to 35 days of age on 372 quails borned in the year of 2011 belonging to the genetic improvement program of the Animal Science Department/Escola de Veterinária/Federal University of Minas Gerais were used in the analyses. The magnitude of genetic variance (0.12), residual variance (0.20) and heritability estimate (0.37) suggest this trait show high response to genetic selection program. The hierarchical Bayesian model is efficient to estimate genetic parameters of European quail.

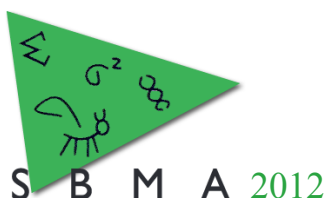
Keywords: breeding program, European quail, heritability, hierarchical Bayesian model

Introdução

Os parâmetros relacionados ao desempenho de animais especializados para produção de carne devem ser conhecidos, para que estratégias de melhoramento sejam conduzidas no sentido de aumentar a eficiência produtiva desses animais. A seleção em qualquer programa de melhoramento genético se baseia na estimação acurada dos valores genéticos para as características utilizadas como critérios de seleção. Métodos frequentistas vêm sendo comumente utilizados para a obtenção de componentes de variância necessários à predição dos valores genéticos das aves. Entretanto, os resultados são pontuais, e não permitem outras inferências, além daquelas proporcionadas pelo valor da estimativa e de sua variância (Sun *et al.*, 1996).

Os métodos bayesianos são alternativa de estimação de componentes de variância interessante para avaliação de características de limiar e, com o surgimento de métodos computacionais intensivos, como o amostrador de Gibbs, têm também aplicação direcionada para características de manifestação contínua (Gianola & Fernando, 1986). Sun *et al.* (1996), demonstram que a inferência bayesiana é alternativa de grande flexibilidade tanto em relação aos modelos que podem ser utilizados nas análises, quanto às inferências que podem ser realizadas a partir dos resultados, com menor custo computacional.

Portanto, objetivou-se com este estudo estimar parâmetros genéticos para ganho de peso diário em codornas de corte da linhagem EV1 utilizando modelo hierárquico Bayesiano.



Material e Métodos

O banco de dados constituiu-se de informações do peso de 372 codornas européias (*Coturnix coturnix*) da linhagem EV1, pertencentes ao programa de melhoramento genético do Departamento de Zootecnia/EV/UFMG, mensurados semanalmente do nascimento aos 35 dias de idade no ano de 2011. Considerou-se, nas análises, o ganho de peso diário das codornas. As aves foram criadas em boxes, em condições semelhantes às praticadas comercialmente e alimentadas com dieta de crescimento contendo 2900 kcal/Kg de energia metabolizável e 28% de proteína bruta, fornecidas *ad libitum*. Foi utilizado controle de pedigree utilizando-se na reprodução um macho para duas fêmeas. O arquivo de pedigree foi composto por 496 indivíduos.

Foi gerada para o amostrador uma cadeia de Gibbs inicial de 200.000 ciclos e descarte inicial de 50.000 ciclos, distribuição uniforme dos dados e a priori plana ou não informativa e distribuição Wishart invertida para os componentes de variância. A análise de convergência foi realizada pela observação do gráfico de traço das estimativas dos componentes de variância versus os ciclos de amostragem. As amostras dos componentes de variância foram utilizadas para cálculo da herdabilidade.

Os componentes de variância genética aditiva e residual foram estimados por intermédio do programa INTERGEN (Cardoso, 2007) que permite estimar os parâmetros de modelos hierárquicos de Bayes, por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). O modelo utilizado foi:

$$y = X\beta + Za + e; \text{ em que}$$

y é o vetor de observações, β é o vetor de efeito fixo associado ao sexo do indivíduo, a é o vetor de efeitos aleatórios, para efeito genético aditivo. X e Z são as matrizes de incidência e e é o vetor de erros aleatórios associados a cada observação.

Resultados e Discussão

Os componentes de variância, a herdabilidade e os respectivos intervalos de alta densidade constam na tabela 1. As estimativas dos componentes de variância apresentam valores próximos das médias, modas e medianas, o que evidencia simetria na distribuição a posteriori. Assim, a média pode ser usada como valor representativo da distribuição dos dados.

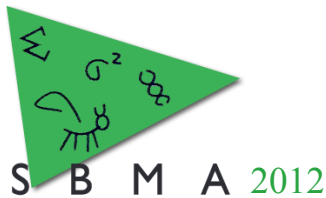
Tabela 1 – Estimativas dos componentes de variâncias genética aditiva, residual e herdabilidade, com respectivos valores médios, medianas, modas e intervalo de alta densidade em 95%

	Média	Desvio-padrão	Moda	Mediana	Intervalo de alta densidade
σ_a^2	0,12	0,03	0,11	0,12	0,07 a 0,20
σ_e^2	0,20	0,03	0,20	0,20	0,15 a 0,26
h^2	0,37	0,08	0,35	0,37	0,23 a 0,56

σ_a^2 variância genética aditiva, σ_e^2 variância residual, h^2 herdabilidade

As análises de traço dos componentes de variância genética aditiva e residual versus os ciclos amostrais constam nas figuras 1 e 2, respectivamente. Observa-se que a cadeia de amostras cruzou a linha da média das amostras várias vezes antes do período de descarte, e que após este período as amostras variaram sem nenhuma tendência, o que indica que houve convergência das cadeias MCMC.

A herdabilidade para ganho de peso diário foi 0,37 indicando se tratar de característica que apresenta alta resposta a programa de seleção. Outros autores, ao trabalharem com linhagens diferentes de codornas européias e ao utilizarem o mesmo modelo, obtiveram herdabilidades de 0,53 para peso aos 28 dias (Winter, 2005) e 0,24 para peso aos 35 dias (Paiva, 2007). Dionello (2008), ao trabalhar com a mesma linhagem, porém com modelo de regressão aleatória, encontrou herdabilidades de 0,01, 0,05, 0,18, 0,28, 0,38, 0,45 e 0,50 para pesos ao nascer e aos, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, respectivamente. Esses trabalhos mostram uma variação muito grande entre as herdabilidades para peso em diferentes idades. A



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

seleção para a característica ganho de peso pode ser interessante para a seleção de aves que além de atingirem maior peso ao abate, apresentam melhor desempenho durante toda a fase de crescimento.

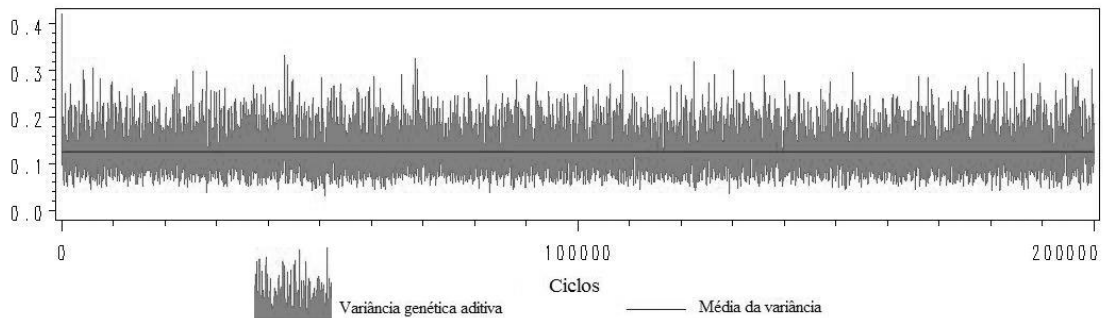


Figura 1 – Análise de traço do componente de variância genética aditiva versus os ciclos amostrais

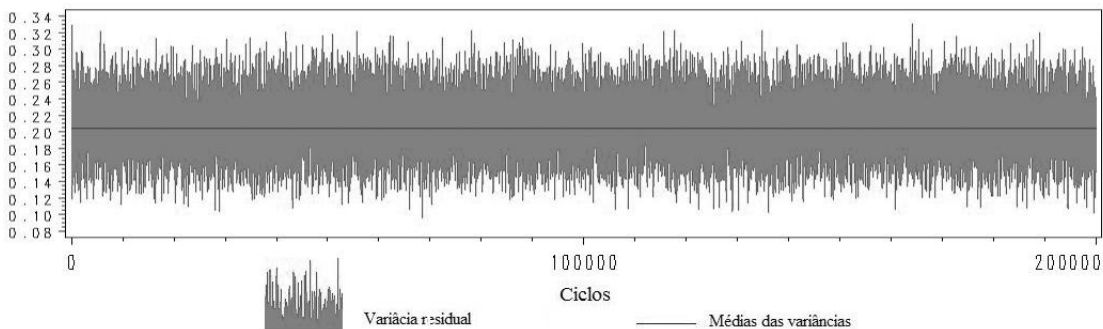


Figura 2 – Análise de traço do componente de variância residual versus os ciclos amostrais

Conclusões

A herdabilidade do ganho de peso diário em codornas de corte EV1 é alta, o que indica que ela pode ser intensamente explorada em programa de seleção. O modelo hierárquico bayesiano é eficiente em estimar parâmetros genéticos de codornas européias.

Agradecimentos

Às entidades financiadoras CAPES e CNPq.

Literatura citada

- CARDOSO, F.F. **Manual de utilização do programa INTERGEN** - Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2008. p.74.
- DIONELLO, N.J.L.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Estimativas da trajetória de 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.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, 1986, p.217-244.
- PAIVA, E., **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, para peso corporal e características de carcaça em codornas de corte**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2007. 47p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Universidade Estadual de Maringá, 2007.
- SUN, L.; HSU, J.S.J.; GUTTMAN, I.; LEONARD, T. Bayesian methods for variance component models. **Journal of the American Statistical Association**, v.91, n.434, 1996. P.743-752.
- 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.