

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Avaliação genética de características de desempenho em população referência para validação de estudos genômicos em frango de corte.

Jane de Oliveira Peixoto², Marcio Gilberto Saatkamp², Alexandre Luiz Tessmann², Elsio Antônio Pereira Figueiredo², Danísio Prado Munari³, Mônica Corrêa Ledur²

¹Pesquisa financiada pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico -CNPq (processo 481755/2007-1);

²Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil; e-mail: jane@cnpa.embrapa.br

³Departamento de Ciências Exatas FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brazil

Resumo: Nesse estudo investigaram-se parâmetros genéticos de características de desempenho em uma população desenvolvida para validação de marcadores a partir de uma linha paterna de frango de corte da Embrapa Suínos e Aves. Foram obtidas estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para as características de peso ao nascer, aos 21, 35 e 42 dias de idade, peso da carcaça pós sangria e depena e peso da carcaça resfriada. Foram utilizadas informações de 1465 animais abatidos aos 42 dias de idade. As análises foram realizadas por meio do programa QxPak, utilizado um modelo animal, sendo as estimativas obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita - REML. A variabilidade genética observada entre os indivíduos indicou que essa população poderá ser utilizada para validar resultados das pesquisas em genômica de aves.

Palavras-chave: crescimento, parâmetros genéticos, população referência.

Genetic evaluation of performance traits in a reference population for validation studies of poultry genomics

Abstract: Genetic parameters for growing traits in a paternal broiler line were investigated in a specific population developed by Embrapa Suínos e Aves for marker validation. Heritabilities and genetic correlations for birth weight, body weight at 21, 35, 41, 42 days, weight without feathers and blood, and carcass weight were estimated. Data from 1465 chickens slaughtered at 42 days of age were used. Analyses were carried out using QxPak software with an animal model. The genetic parameters were estimated by the restricted maximum likelihood – REML. The genetic variability observed among individuals indicated that this population can be used to validate results from chicken genomics research.

Keywords: Growth, genetic parameters, reference population.

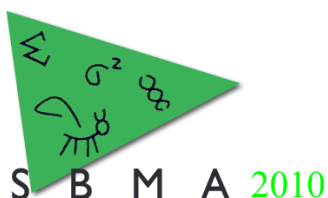
Introdução

A estimação dos parâmetros genéticos de uma população é fundamental para se obter informações sobre a natureza da ação dos genes envolvidos na herança dos caracteres e estabelecer a base para a escolha dos métodos de melhoramento genético mais convenientes. De acordo com Campos e Pereira (1999), a quantificação da variação genética aditiva das características, indicada pelas herdabilidades, e as associações genéticas entre as características, fornecidas nas correlações genéticas, permitem estabelecer estratégias de melhoramento animal e o monitoramento da variabilidade genética dos indivíduos das linhagens.

Além da contribuição no melhoramento clássico, o conhecimento desses parâmetros populacionais tem subsidiado a interpretação de resultados obtidos nas análises genômicas para identificação de regiões de interesse, principalmente, nas abordagens de análise de *loci* que controlam características quantitativas (QTLs) e de genes candidatos. Nesse estudo foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos para as características de desempenho de uma população referência desenvolvida especificamente para validação de resultados genômicos em frango de corte.

Material e Métodos

A população utilizada nesse estudo foi desenvolvida para a validação de resultados obtidos das pesquisas em genômica. Essa população foi obtida pela expansão de uma linhagem paterna de frango de corte (TT) pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Embrapa Suínos e Aves. A



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

população foi formada pelo acasalamento de 20 machos com 92 fêmeas (1:5), totalizando cerca de 1600 filhos. Os animais foram criados com programas de vacinação e manejo nutricional preconizados para frango de corte na Empresa. Foram utilizados pintos de um dia de idade, de ambos os sexos, provenientes de cinco incubações. As aves foram mantidas em boxes coletivos até 35 dias de idade e dos 35 aos 41 dias de idade foram alojadas em gaiolas individuais para a avaliação da conversão alimentar. Aos 42 dias de idade, 1465 aves foram abatidas. Essa população apresenta banco de DNA genômico, registro de pedigree de cada indivíduo e banco fenotípico com diversas características de interesse para a avicultura.

Nesse estudo foram estimadas as herdabilidades e correlações genéticas para as características peso ao nascer, aos 21, 35 e 42 dias de idade, peso da carcaça pós sangria e depena e peso da carcaça resfriada foram obtidas. As análises foram realizadas utilizando-se o programa QxPak (Perez-Enciso & Misztal, 2004), sendo as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita - REML. Foi realizada análise de características múltiplas utilizando um modelo misto com os efeitos fixos de sexo e incubação e como aleatórios o efeito infinitesimal e o erro.

Resultados e Discussão

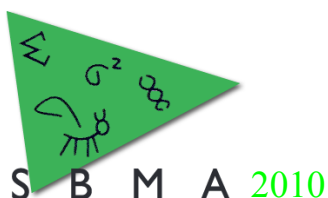
Esse estudo envolve a caracterização genética e fenotípica de uma população desenvolvida para a validação de resultados de pesquisa em genômica de aves. Além do conhecimento das médias e variação genética, a obtenção de estimativas de outros parâmetros, como coeficiente de herdabilidade e correlações genéticas são necessários para se avaliar o potencial da população referência para validação de resultados genômicos. Uma vez conhecidos, esses parâmetros permitirão a melhorar utilização de estratégias genômicas e a interpretação sobre a influência e natureza da ação dos genes envolvidos na herança de características complexas como o crescimento, conversão alimentar e rendimento de cortes de carcaça. As estatísticas descritivas das características peso ao nascer, aos 21, 35, 41 e 42 dias de idades e peso pós sangria e depena e peso da carcaça resfriada estão apresentadas na Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 1 Número de animais (N), médias, desvios-padrão (dp), Mínimo (Min) e Máximo (Max) para as características analisadas.

Característica	N	Media (g)	Desvio-padrão	Min (g)	Max (g)
PNAS	1448	47,66	3,70	37,40	61,80
P21	1426	648,43	133,86	256,00	1034,00
P35	1450	1730,96	202,52	776,00	2444,00
P41	1443	2219,20	251,82	1026,00	2922,00
P42	1453	2223,88	260,06	988,00	2971,00
PPSD	1445	2055,75	247,50	901,00	2764,00
PCR	1440	1638,72	202,14	661,20	2212,00

PNAS – peso ao nascer, P21, peso aos 21 dias de idade, P41 – peso aos 41 dias de idade, P42 – peso aos 42 dias de idade, PPSD – peso pós sangria e depena, PCR – peso da carcaça resfriada.

De acordo com a observação dos desvios padrão e dos valores máximos e mínimos, existe variabilidade fenotípica considerável entre os indivíduos dessa população, apesar da seleção praticada dentro de linha por vários anos, desde 1992. Isso demonstra que a variabilidade se mantém dentro de linhagens, mesmo em populações intensamente selecionadas em programas de melhoramento genético. Esse fato também fica evidente com a existência de herdabilidades moderadas para as características de desempenho apresentadas na Tabela 2. Possivelmente, essa variabilidade fenotípica, causada por variações genômicas, permite identificar genes e marcadores associados às características de interesse, uma vez que a existência de variabilidade indica a segregação de alelos nas populações.



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Tabela 2. Herdabilidades e correlações genéticas entre as características de desempenho avaliadas.

Características ¹	PNAS	P21	P35	P41	P42	PPSD	PCR
PNAS	0,66	0,38	0,20	0,18	0,18	0,18	0,16
P21		0,31	0,77	0,66	0,65	0,63	0,65
P35			0,28	0,93	0,92	0,91	0,92
P41				0,25	0,98	0,97	0,95
P42					0,24	0,99	0,97
PPSD						0,25	0,98
PCR							0,24

¹Herdabilidades na diagonal e correlações genéticas acima da diagonal.

PNAS – peso ao nascer, P21, peso aos 21 dias de idade, P41 – peso aos 41 dias de idade, P42 – peso aos 42 dias de idade, PPSD – peso pós sangria e depena, PCR – peso da carcaça resfriada.

Observa-se valor elevado para a herdabilidade do peso nascer. As demais são moderadas e estão próximas as relatadas por outros autores (Zerehdaran et al., 2004, Vayego et al., 2008). No que se refere às correlações genéticas entre as características, observa-se que o peso ao nascer apresenta baixa correlação com os pesos medidos nas idades superiores, até a idade de 42 dias. Quanto mais distante é a idade de pesagem do indivíduo em relação ao peso ao nascimento, menor é correlação genética existente. Isso indica que o peso ao nascer apresenta fraca associação genética com o peso nas idades posteriores. Provavelmente, a maioria dos genes responsáveis pelo desenvolvimento embrionário é diferente dos genes responsáveis pelo crescimento nas fases posteriores. O peso aos 21 dias apresenta correlações genéticas moderadas com os pesos em outras idades. Os pesos obtidos entre os 35 e 42 dias de idade são altamente correlacionados (0,91 a 0,99), indicando que, a partir dos 35 dias de idade, praticamente os mesmos genes controlam o crescimento do frango de corte. As características peso pós sangria e depena (PPSD) e peso da carcaça resfriada (PCR) são altamente correlacionadas entre si e apresentam elevada correlação com o peso a partir dos 35 dias de idade.

Conclusão

Existe variabilidade genética considerável entre os indivíduos TT para as características de crescimento, indicando o potencial dessa população para validar resultados de pesquisa em genômica aplicados a frango de corte.

Literatura citada

- CAMPOS, E. J., PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético das aves. In : PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético aplicado a produção animal. Belo Horizonte: FEP-MVZ, Cap. 17, p 284-314, 1999.
- PÉREZ-ENCISO, M.; MISZTAL, I. Qxpak: a versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. *Bioinformatics*, v.20, p.2792-2798, 2004.
- VAYEGO, S.A., DIONELLO, N.J.L., FIGUEIREDO, E.A.P. Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 37(7):1230-1235, 2008.
- EREHDARAN, S.; VEREIJKEN, A.L.J.; ARENDONK, J.A.M. van; WAAIJ, E.H. Estimation of genetic parameters for fat deposition and carcass traits in broilers. *Poultry Science*, v.83, p.521-525, 2004.