

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Divergência genéticas entre grupos genéticos de codornas, para características da qualidade do ovo

Graziela Maria de Freitas Rocha¹, Talita Andrade Ferreira², Lúcio Flávio Macedo Mota³, Jessica Amaral Miranda¹, Aldrin Vieira Pires², Martinho de Almeida e Silva⁴

¹Graduação em Zootecnia – UFVJM, Diamantina, MG. zifreitas@gmail.com

²Departamento de Zootecnia – UFVJM, Diamantina, MG.

³Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFVJM, Diamantina, MG. Bolsista da CAPES.

⁴Professor Visitante Sênior CAPES – UFVJM, Diamantina, MG.

Resumo: Objetivou-se com este trabalho avaliar a divergência genética para características da qualidade do ovo entre diferentes grupos genéticos de codornas. Foram avaliados 549 ovos provindos de oito genótipos de codornas: EV1, EV2, UFV1, UFV2, UFV3, LF1, LF2 e POSTURA com idade em torno de 70 dias. Os ovos foram coletados durante três dias consecutivos e as análises das características foram realizadas no último dia da coleta sendo avaliados peso do ovo, gravidade específica, peso da gema, peso da casca e peso do albume. Foram realizadas análises por variáveis canônicas e agrupamento pelo método de otimização de Tocher. As duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) explicaram 96,11% da variação observada em que a variável canônica VC1 explicou 88,75% da variação para qualidade do ovo entre os grupos genéticos. A análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher resultou em três agrupamentos genéticos distintos que apresentaram características semelhantes: grupo 1 – UFV2, UFV3, EV1 e EV2, grupo 2 – LF2, UFV1 e LF1 e grupo 3 – Postura. Estes três grupos apresentam similaridade dentro do grupo e divergência genética entre eles.

Palavras-chave: agrupamento, distância, variável canônica

Genetic divergence in different genotypes of quail for egg quality characteristics

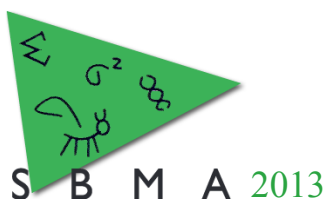
Abstract: The objective of this work was to evaluate the genetic divergence characteristics of egg quality among different quail genotypes. A total of 549 eggs coming from eight genotypes of quail were evaluated at 70 days of age: EV1, EV2, UFV1, UFV2, UFV3, LF1, LF2 and POSTURE.. Eggs were collected for three consecutive days and the analyses of the egg characteristics were conducted on the last day. The following characteristics were evaluated: egg weight, specific gravity, yolk weight, shell weight and albumen weight. Analyses were performed by canonical variables and the grouping of genotype by method of Tocher. The first two canonical variables (VC1 and VC2) accounted for 96.11% of the total observed variation and the canonical variable VC1 accounted for 88.75% of the variation in egg quality the of genetic groups. Cluster analysis by Tocher method resulted in three distinct genetic groups with similar characteristics: group 1 - UFV2, UFV3, EV1 and EV2, group 2 - LF2, LF1 and UFV1 and group 3 - Posture. These three groups show similarities within the group and genetic divergence between them.

Keywords: canonical variable, distance, group

Introdução

O estudo da diversidade genética entre grupos de progenitores tem por objetivo identificar combinações híbridas que apresentam maior grau de heterozigose, de maneira aumentar a possibilidade de recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes. O estudo de divergência genética pode ser feito utilizando a técnica de variáveis canônicas (Cruz e Regazzi, 1997). Esta técnica consiste na transformação de um conjunto original de variáveis em variáveis padronizadas e não correlacionadas, com a característica de manter o princípio do processo de conglomeração com base na distância D^2 de Mahalanobis, e de levar em consideração tanto a matriz de covariâncias residuais quanto a de covariâncias fenotípicas das características avaliadas. O novo conjunto de variáveis, em ordem de estimação, retém o máximo de informação em termos da variação total. Estas variáveis explicam tanto melhor a variabilidade manifestada entre os indivíduos avaliados quanto menor for o número de variáveis que acumulem pelo menos 80% da variação total.

Neste sentido objetivou-se com este trabalho verificar a divergência genética da qualidade do ovo de genótipos de codornas por meio de técnicas de análise multivariada.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Material e Métodos

O presente estudo foi realizado nas instalações do Programa de Melhoramento Genético de Codornas da UFVJM, Diamantina – MG. Para a avaliação da qualidade do ovo foram utilizados 579 ovos provindos de oito genótipos de codornas, sendo sete genótipos de codornas de corte (EV1, EV2, UFV1, UFV2, UFV3, LF1, LF2) e um genótipo de codornas de postura (POSTURA), com idade em torno de 70 dias. Os ovos foram coletados durante três dias consecutivos no período de 5 a 7 de junho de 2013 e as análises de qualidade do ovo foram realizadas no último dia da coleta, no Laboratório de Ciências e Tecnologia de Produtos de Origem Animal (CTPOA). Foram avaliados o peso do ovo, densidade específica, peso da gema, peso da casca, peso do albume. A gravidade específica dos ovos foi determinada utilizando-se o método baseado no princípio de Arquimedes, conforme Freitas et al. (2004). As análises estatísticas foram feitas utilizando-se o procedimento “proc candisc” do programa SAS (Statistical Analysis System 9.0). A seguir realizou-se o teste de comparações entre os vetores de médias, pelo teste da união-interseção de Roy. Para a análise de agrupamento foi utilizado o método de otimização de Tocher, adotando-se a distância D^2 de Mahalanobis como medida de dispersão, conforme citado por Rao (1952).

Resultados e Discussão

Foi observada diferença significativa ($P \leq 0,01$) entre os grupos genéticos pelo teste de Roy, para as características de qualidade do ovo: PSECO, PGEMA, PCASCA e PALBUME (Tabela 1), podendo ser notado que o grupo genético POSTURA apresentou as menores médias nas respectivas características.

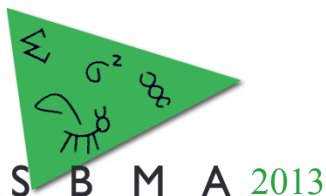
Tabela 1. Médias das características para as linhagens EV1, EV2, LF1, LF2, POSTURA, UFV1, UFV2 e UFV3

Linhagem	Característica				
	PSECO (g)	GE (g/cm ³)	PGEMA (g)	PCASCA (g)	PALBUMEM (g)
EV1	14,11 ^a	1,06890 ^a	4,39232 ^a	1,15290 ^a	8,56732 ^a
EV2	14,31 ^a	1,07004 ^a	4,37150 ^a	1,16650 ^a	8,77612 ^a
LF1	14,62 ^a	1,07074 ^a	4,47812 ^a	1,14506 ^a	8,99736 ^a
LF2	13,84 ^a	1,07013 ^a	4,08310 ^a	1,09150 ^a	8,67373 ^a
POSTURA	10,29 ^b	1,07685 ^a	3,02094 ^b	0,90206 ^b	6,37026 ^b
UFV1	14,19 ^a	1,07065 ^a	4,36781 ^a	1,11289 ^a	8,71036 ^a
UFV2	14,47 ^a	1,07170 ^a	4,33190 ^a	1,22464 ^a	8,91594 ^a
UFV3	14,65 ^a	1,07136 ^a	4,52697 ^a	1,20189 ^a	8,93106 ^a

PSECO= peso do ovo; PGEMA= peso da gema; PALBUME= peso do albume; PCASCA= peso da casca. Médias seguidas por letras distintas na linha diferem pelo teste de Roy, a 1% de probabilidade.

A linhagem de postura apresentou menor peso do ovo, em razão das codornas desse grupo genético apresentarem ovos menores e com menores peso e constituintes dos ovos avaliados, em comparação com os demais grupos genéticos de codornas de corte. As duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) explicaram 96,11% da variação observada (Tabela 2) e, portanto, foram utilizadas para gerar as duas médias canônicas (MC1 e MC2) utilizadas na representação gráfica bidimensional (Figura 1), podendo então ser visualizadas as distâncias gráficas que representam as similaridades e dissimilaridades entre os diferentes genótipos de codornas. Por estar associada com a VC1, responsável por 88,75% da variação observada, a MC1 (eixo das abcissas da Figura 1) é a principal responsável pela divergência entre os genótipos estudados.

Tabela 2 – Variáveis canônicas, autovalores e percentagens da variância obtidas da análise das características para os genótipos de codornas



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Variável Canônica (VCi)	Autovalor	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
VC1	1,4429	88,75	88,75
VC2	0,1196	7,36	96,11
VC3	0,0337	2,07	98,19
VC4	0,0295	1,81	100,00
VC5	0,0000	0,00	100,00

Os oito grupos genéticos de codornas avaliados foram agrupados pelo método de otimização de Tocher (Figura 1), resultando em três grupamentos genéticos distintos que apresentam similaridade dentro do grupo e divergência genética entre os grupos. Os grupos genéticos UFV2, UFV3, EV1 e EV2 formaram um grupo por apresentarem médias canônicas (MC1 e MC2) próximas entre si e distintos em comparação com os outros grupos genéticos. O mesmo pode ser observado para os grupos genéticos LF1, LF2 e UFV1. O grupo genético POSTURA foi alocado sozinho em um único grupo por apresentar características mais divergentes e apresentar maior distanciamento de produção comparado aos grupos genéticos de codornas de corte.

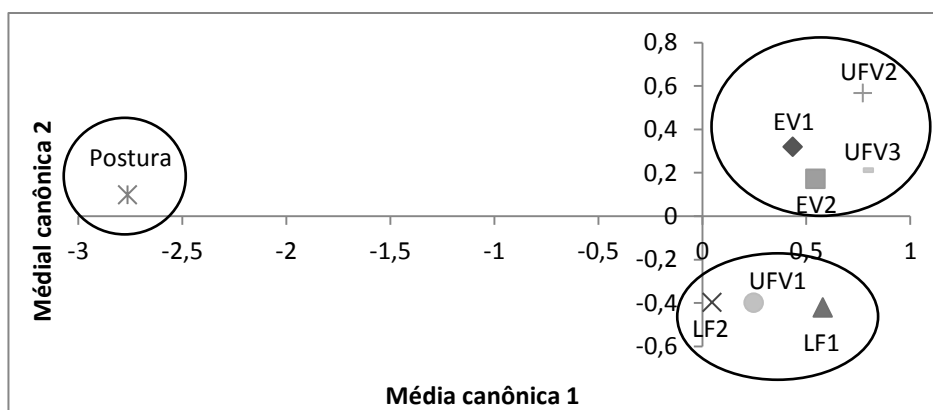


Figura 1 – Agrupamento dos oito genótipos de codornas.

Conclusões

As características da qualidade do ovo de codornas estão associadas a fatores inerentes aos grupos genéticos analisados.

A divergência genética existente entre os genótipos permitiu o agrupamento em três grupos distintos: grupo 1 – UFV2, UFV3, EV1 e EV2, grupo 2 – LF1, LF2 e UFV1, e grupo 3 – POSTURA.

Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio financeiro recebido da CAPES, CNPq e FAPEMIG.

Literatura citada

- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1997, 390p.
- FREITAS, E.R.; SAKOMURA, N.K.; GONZALEZ, M.M.; BARBOSA, N.A.A. Comparação de métodos de determinação da gravidade específica de ovos e poedeiras comerciais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n.5,p.509-512, 2004.
- RAO, C.R. 1952. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York, John Wiley & Sons, 390p.