

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Divergência entre genótipos de codornas de corte provenientes de cruzamento dialélico¹

Talita Andrade Ferreira², Eduardo Silva Cordeiro Drumond², Luiza Rodrigues Alves Abreu³, Leonardo da Silva Costa⁴, Aldrin Vieira Pires², Graziela Maria de Freitas Rocha⁴

¹Parte da dissertação de mestrado do segundo autor. Apoio: FAPEMIG, CNPq e CAPES.

²Departamento de Zootecnia – UFVJM, Diamantina, MG, e-mail: tatilatazoo@gmail.com.

³Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFVJM, Diamantina. Bolsista do CNPq. e-mail: luizabreu@zootecnista.com.br.

⁴Graduação em Zootecnia – UFVJM, Diamantina. Bolsista da FAPEMIG. e-mail: leocostajp@yahoo.com.br.

Resumo: Objetivou-se com este trabalho verificar a divergência genética entre dezesseis genótipos de codornas de corte (*Coturnix coturnix*) provenientes de cruzamento dialélico. Quatro linhagens de codornas de corte (*Coturnix coturnix*), denominadas L1, L2, L3 e L4 foram cruzadas para formação dos 16 genótipos (11, 12, 13, 14, 21, 22, 23, 24, 31, 32, 33, 34, 41, 42, 43 e 44). Foram avaliadas as seguintes variáveis: peso corporal aos 28, 35 e aos 42 dias de idade; o consumo médio de dieta do nascimento aos 42 dias de idade; e a conversão alimentar do nascimento aos 42 dias de idade, peso vivo, de carcaça, peso e rendimento de peito, pernas e asas. Para o estudo da divergência genética utilizou-se análise por variáveis canônicas e agrupamento pelo método de otimização de Tocher. A divergência genética entre os genótipos avaliados permitiu a formação de três grupos com os seguintes genótipos: grupo 1- 31, 13, 11, 12, 14, 21, 22, 23, 24, 32, 34, 41, 43, a combinação do genótipo 33 levou a criação do grupo 2, e o genótipo 42, grupo 3 demonstrando que resultados diferentes no desempenho da progênie serão obtidos se a linha utilizada no cruzamento for usada como linha macho ou linha fêmea, permitindo orientar melhor o cruzamento de acordo com o objetivo pretendido, contribuindo para avanços nos programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: agrupamento, *Coturnix coturnix*, variáveis canônicas

Divergence between genotypes quails from diallel cross

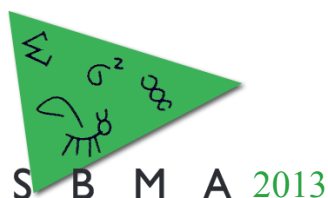
Abstract: The objective of this work was to verify the genetic divergence between sixteen genotypes quails (*Coturnix coturnix*) from diallel cross. Four strains of type quail (*Coturnix coturnix*), named L1, L2, L3 and L4 are folded for the formation of the 16 genotypes (11, 12, 13, 14, 21, 22, 23, 24, 31, 32, 33, 34, 41, 42, 43 and 44). The following variables were assessed: body weight at 28, 35 and 42 days of age, the average consumption of diet from birth to 42 days of age, and the feed from birth to 42 days of age, body weight, carcass weight and breast yield, legs and wings. To study the genetic divergence was used for canonical variables analysis and clustering by Tocher optimization method. Genetic divergence among genotypes allowed the formation of three groups with the following genotypes: group 1-31, 13, 11, 12, 14, 21, 22, 23, 24, 32, 34, 41, 43, the combination of genotype 33 led to the creation of group 2, and genotype 42, group 3 showing different results in progeny performance will be obtained when the line used in the crossing line is used as male or female line, allowing better target cross according to the objective intended, contributing to advances in breeding programs.

Keywords: grouping, *Coturnix coturnix*, divergence

Introdução

No Brasil ainda há poucas linhagens nacionais com características produtivas adequadas à produção de carne de codornas. Estudos utilizando linhagens de origem europeia têm ocorrido no Brasil com intuito de conhecer melhor o desenvolvimento dessa espécie (Gonçalves et al., 2012).

O uso de cruzamentos dialélicos auxilia na escolha dos progenitores permitindo indicar qual linha deve ser utilizada como macho ou fêmea nos cruzamentos, de forma a se obter o animal comercial com as melhores características possíveis para a formação de progênes superiores, devido à capacidade de combinação das linhagens quando cruzadas. Aliada ao cruzamento dialélico a variável canônica é uma



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

técnica da análise multivariada que permite prever a divergência genética, sendo um importante fator de auxílio nos programas de melhoramento genético animal, que consiste em proporcionar a simplificação estrutural nos dados, de modo que a diferença entre genótipos seja identificada (Cruz & Regazzi, 1997).

Assim, objetivou-se com o presente trabalho verificar a divergência genética entre 16 genótipos de codornas de corte provenientes de cruzamentos dialélicos, utilizando técnicas de variáveis canônicas.

Material e Métodos

O presente estudo foi conduzido nas instalações do Programa de Melhoramento de Codornas do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, situado no Campus JK em Diamantina-MG, no período de 16 de dezembro de 2011 a 26 de janeiro de 2012.

Foram utilizadas quatro linhagens de codornas de corte (*Coturnix coturnix*) denominadas L1, L2, L3 e L4. O sistema de cruzamento proporcionou 16 grupos de progênies, sendo quatro parentais puros (11, 22, 33 e 44), seis mestiços F1 (12, 13, 14, 23, 24 e 34) e seis mestiços F1 recíprocos (21, 31, 32, 41, 42 e 43). Foram avaliados o peso corporal médio aos 28, 35 e aos 42 dias de idade; o consumo médio de ração do nascimento aos 42 dias de idade; a conversão alimentar do nascimento aos 42 dias de idade; além do peso corporal e de carcaça, peso e rendimento de peito, pernas e asas, ao abate. As análises estatísticas foram feitas utilizando-se o procedimento “PROC CANDISC” do SAS (*Statistical Analysis System*, versão 9.2.). 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

As duas primeiras variáveis canônicas (VC_1 e VC_2) explicaram 65,70% da variação observada (Tabela 1) e, portanto, foram utilizadas para gerar as duas médias canônicas (MC_1 e MC_2) empregadas na representação gráfica bidimensional (Figura 1), podendo então ser visualizadas as distâncias gráficas que representam as dissimilaridades entre os diferentes genótipos de codornas de corte. Por estar associada com a VC_1 , responsável por 41,08% da variação observada, a MC_1 (eixo das abcissas da Figura 1) é a principal responsável pela divergência entre os genótipos estudados.

Tabela 1. Variáveis canônicas, autovalores e percentagens da variância obtidas da análise das características para os genótipos de codornas de corte

Variável Canônica (VC_i)	Autovalor	Variância Acumulada (%)
VC_1	7,8562	41,08
VC_2	4,7070	65,70
VC_3	2,9913	81,34
VC_4	1,1025	87,11
VC_5	0,6547	90,53
VC_6	0,5876	93,61
VC_7	0,3606	95,49
VC_8	0,3390	97,27
VC_9	0,2115	98,37
VC_{10}	0,2007	99,42
VC_{11}	0,0868	99,87
VC_{12}	0,0169	99,96
VC_{13}	0,0070	100,00

Os dezesseis genótipos também foram agrupados pelo método de otimização de Tocher (Figura 1), dando origem a três grupamentos genéticos, que representam similaridade genética dentro do grupo e divergência genética entre os grupos. A combinação dos genótipos 31, 13, 11, 12, 14, 21, 22, 23, 24, 32, 34, 41, 43 e 44 formou um grupo por não apresentar distanciamento genético significativo entre estes genótipos, sendo, portanto, considerados semelhantes. O genótipo 33 levou a criação de um único grupo, assim como o genótipo 42 também ficou em um único grupo.

O fato de o genótipo 33, resultante do cruzamento L3xL3, ter sido isolado dos demais pode ser explicado pelo melhor desempenho apresentado, pois as médias canônicas provenientes desse cruzamento quando comparadas com os cruzamentos que envolveram as mesmas linhagens paterna e materna (11, 22, 44) foram superiores, indicando que esse seria o melhor resultado para cruzamentos que englobam as mesmas linhagens. O cruzamento entre as linhas L4XL2 produziu o genótipo 42 que constituiu outro grupo. Isso foi possível, pois as médias desse cruzamento foram superiores aos demais genótipos que envolveram linhagens diferentes, podendo também ser explicado pela heterose que gerou um incremento positivo melhorando a média desse genótipo.

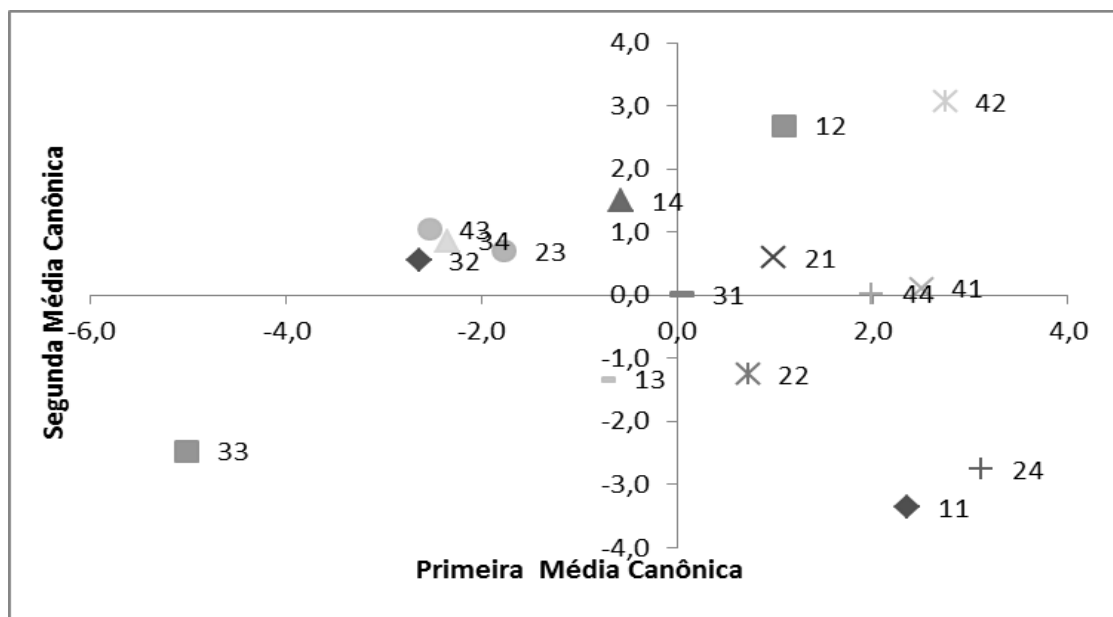


Figura 1. Dispersão gráfica dos dezesseis genótipos com relação às duas primeiras médias canônicas.

Conclusões

Através das características de desempenho foi possível identificar a divergência genética entre os genótipos avaliados, permitindo a formação de três diferentes grupos de codornas de corte.

Resultados diferentes no desempenho da progênie serão obtidos se a linha utilizada no cruzamento for usada como linha macho ou linha fêmea, permitindo orientar melhor o cruzamento de acordo com o objetivo pretendido, contribuindo para avanços nos programas de melhoramento genético.

Agradecimento

À FAPEMIG, CAPES, CNPQ e UFVJM pelo financiamento para realização desse trabalho.

Literatura citada

- CRUZ, C. D. & REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** 3ª ed. V. 2, Viçosa: UFV, 2006. 585p.
- GONÇALVES, F. M., PIRES, A.V., PEREIRA, I. G., et al. Genetic Evaluation of European quails by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, n.9, p.2005-2011, 2012.
- RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390p.