

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

### **Avaliação conjunta da diversidade fenotípica baseada em dados morfológicos quantitativos e qualitativos da galinha naturalizada da raça Peloco<sup>1</sup>**

Eva Clícia de Jesus Almeida<sup>2</sup>, Paulo Luiz Souza Carneiro<sup>3</sup>, Bárbara Campos Machado<sup>5</sup>, Mário Henrique Magalhães Araújo Silva<sup>6</sup>, Ronaldo Vasconcelos Farias Filho<sup>4</sup>, Carlos Henrique Mendes Malhado<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Parte da dissertação de mestrado da primeira autora, financiada pela CAPES, FAPESB e CNPq

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFBA, Salvador. Bolsista da FAPESB. e-mail: evaclucia@gmail.com

<sup>3</sup>Departamento de Ciências Biológicas - UESB, Jequié. Bolsista de produção do CNPq

<sup>4</sup>Departamento de Tecnologia Rural e Animal – UESB, Itapetinga. Professor.

<sup>5</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UESB, Itapetinga. Bolsista da FAPESB.

<sup>6</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UESB, Itapetinga. Bolsista da CAPES.

**Resumo:** A galinha naturalizada da raça Peloco, pode ser encontrada em pequenas propriedades do estado da Bahia, porém estão em estado eminente de desaparecimento. Caracterizam-se pelo empenamento tardio na fase de crescimento e são aparentemente adaptadas ao clima quente da região, caracterizando um importante recurso genético para o pequeno produtor. Objetivou-se com esse estudo avaliar a variabilidade fenotípica de galinhas naturalizadas da raça Peloco utilizando conjuntamente dados qualitativos multicategóricos e quantitativos por meio de análise multivariada. Foram utilizados descritores fenotípicos quantitativos e qualitativos de 27 aves da raça Peloco. Foi utilizado o teste de Mantel para verificar a correlação entre matrizes. A distância de Gower foi usada para obtenção da matriz de dissimilaridade conjunta e o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*) para a análise de agrupamento. Houve a formação de três grupos, com dissimilaridade média de 65,9%, para machos e quatro grupos com dissimilaridade média de 75,0%, para fêmeas, pelo método hierárquico UPGMA. Os agrupamentos obtidos mostraram uma boa consistência ao considerar o CCC (Correlação Cofenética), sendo CCC = 0,85, para machos e CCC = 0,69, para fêmeas. O uso da distância de Gower foi eficiente na análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas ao reduzir o volume dos resultados e com maior praticidade na interpretação.

**Palavras-chave:** agrupamento, distância de Gower, *Gallus gallus domesticus*, multivariada

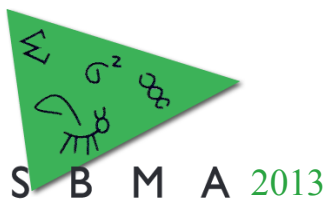
### **Joint evaluation of phenotypic diversity based on quantitative data and qualitative of naturalized chickens of the breed Peloco**

**Abstract:** The naturalized chicken of the Peloco breed can be found on small farms in the state of Bahia, but are in a state of imminent demise. Are characterized by the absence of feathers for a long time during the growth period and are apparently adapted to the hot climate of this region, featuring an important genetic resource for the small producer. The objective of this study was to evaluate the phenotypic variability of naturalized breed chickens Peloco jointly using quantitative and qualitative data multicategoric by multivariate analysis. We used quantitative and qualitative phenotypic descriptors of 27 birds breed Peloco. We used the Mantel test to verify the correlation between matrices. The Gower distance was used to obtain the dissimilarity joint matrix and the method UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*) for cluster analysis. There was the formation of three groups, with average dissimilarity of 65.9% for males and four groups with average dissimilarity of 75.0%, for females, by UPGMA method. The clusters show a good consistency when considering the CCC (cophenetic correlation), and CCC = 0.85 for males and CCC = 0.69 for females. The use of the Gower distance was effective in combined analysis of qualitative and quantitative variables to reduce the volume and results in greater practicality in interpretation.

**Keywords:** clustering, *Gallus gallus domesticus*, Gower distance, multivariate

### **Introdução**

A galinha naturalizada da raça Peloco, pode ser encontrada em pequenas propriedades do estado da Bahia, porém estão em estado eminente de desaparecimento. Essas aves possuem o empenamento tardio na fase de crescimento e quando adultas apresentam penas frisadas ou arrepiadas, em plumagens diversas. As informações populacionais, fenotípicas e genéticas sobre essas aves são escassas.



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

O estudo da diversidade com base em dados morfológicos considera variáveis quantitativas e/ou qualitativas, resultando em grande volume de descritores fenotípicos nas avaliações (Monteiro et al., 2010; Vendramini et al., 2011). Quando o estudo da diversidade é feito com base em vários tipos de variáveis pode-se usar a estratégia de adotar uma medida de dissimilaridade única. Gower (1971) propôs um coeficiente geral de similaridade que é aplicável aos diferentes tipos de variáveis simultaneamente (Rocha et al., 2010).

Objetivou-se com esse estudo avaliar a variabilidade fenotípica de galinhas naturalizadas da raça Peloco utilizando conjuntamente dados qualitativos multicategóricos e quantitativos por meio de análise multivariada.

### Material e Métodos

Foram utilizados dados morfológicos de 27 aves, sendo 11 machos e 16 fêmeas da raça de galinha nativa Peloco provenientes do Setor de Avicultura da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), situado no município de Itapetinga. As aves foram avaliadas aos 150 dias de idade por um mesmo observador. As mensurações foram feitas com o auxílio de balança, paquímetro digital e fita métrica.

Os descritores morfológicos quantitativos foram: peso corporal – PC (kg), comprimento corporal – CC (cm) e envergadura – Env (cm); comprimento do crânio – CCr (mm), largura do crânio – LCr (mm), comprimento da crista – CCt (mm), largura da crista – LCt (mm), comprimento ocular – COc (mm), largura ocular – LOc (mm), comprimento do bico – CBc (mm), largura do bico – LBc (mm), comprimento do lóbulo da orelha – CLO (mm), largura do lóbulo da orelha – LLO (mm); comprimento do pescoço – CPc (cm); comprimento do peito – CP (mm), largura do peito – LP (mm), perímetro torácico – PT (cm), comprimento do dorso – CD (cm), comprimento da cauda – CCd (cm); comprimento da coxa – CCx (cm), comprimento da asa – CAs (cm), comprimento do tarso – CTs (cm), diâmetro do tarso – DTs (mm), comprimento do dedo do pé – CDP (cm). As características qualitativas multicategóricas avaliadas foram tipo de crista, cor da crista, cor dos olhos, cor do bico, cor da barbeta, tipo de asa, tipo de pena, cor da canela e tipo de plumagem.

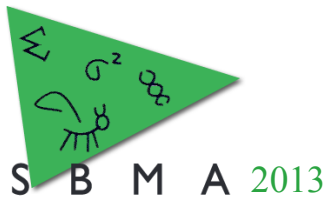
Considerou-se cada indivíduo como um genótipo e procedeu-se análise multivariada para mensurar a diversidade entre os genótipos. As medidas de dissimilaridade utilizadas foram a distância Euclidiana média, utilizada para dados quantitativos sem repetição, o índice de coincidência simples para as variáveis qualitativas que foram classificadas como multicategóricas e a distância de Gower (1971), utilizada para obtenção da matriz conjunta de dados qualitativos e quantitativos. Após obtenção das matrizes de distâncias realizou-se uma análise de associação entre as matrizes usando o teste de Mantel com 1000 permutações e níveis de significância de 1 e 5%.

Utilizou-se o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*), estabelecendo-se o dendrograma com os grupos de maior similaridade. Para testar a consistência dos agrupamentos pelo método UPGMA após obtenção dos dendrogramas foram geradas as estimativas de correlação cofenética (CCC). Os dados foram analisados utilizando-se os recursos computacionais do programa Genes, versão 2009 (Cruz, 2009).

### Resultados e Discussão

As estimativas de correlações entre as matrizes de dissimilaridade foram de alta magnitude ( $r > 0,94$ ) e significativas ( $P < 0,01$ ) pelo teste t e de Mantel para os dois sexos. Essa alta associação entre as matrizes possibilitou a obtenção de uma matriz de dissimilaridade conjunta baseada na distância de Gower utilizando os dados qualitativos e quantitativos simultaneamente.

O agrupamento gerado para os dados qualitativos e quantitativos conjuntamente permitiu a formação de três grupos para machos, com dissimilaridade média de 65,9%, e quatro grupos para fêmeas, com dissimilaridade média de 75,0%, com base na matriz de dissimilaridade de Gower para cada sexo (Figura 1). Entre os machos houve uma menor variação entre as aves, sendo que 81,8% dos indivíduos ficaram alocados no grupo III. Esse comportamento também foi verificado entre as fêmeas, porém para essas um percentual menor (75,0%) de indivíduos ficou alocada em um mesmo grupo (IV). O que é justificado pela formação de um grupo a mais para as fêmeas.



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

A formação de grupos com grande percentual de aves e grupos com indivíduos isolados mostra que as aves avaliadas seguem um padrão em suas características fenotípicas (quantitativas e qualitativas) que pode ser resultado da seleção que é praticada nessas aves que são mantidas sobre controle zootécnico. Os agrupamentos obtidos mostraram uma boa consistência ao considerar o CCC, sendo CCC = 0,85, para machos e CCC = 0,69, para fêmeas.

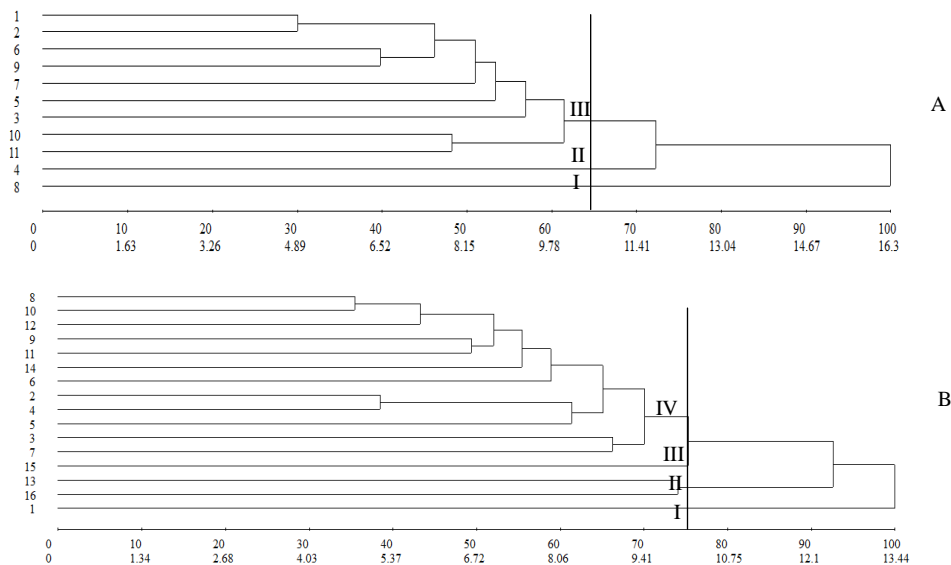


Figura 1. Dendrograma obtido a partir da matriz de dissimilaridade de Gower pelo método de agrupamento UPGMA para indivíduos Peloco. A – Machos; B – Fêmeas.

### Conclusões

Existe diversidade fenotípica entre os indivíduos da raça Peloco ao considerar características fenotípicas qualitativas e quantitativas simultaneamente. O uso da distância de Gower foi eficiente na análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas ao reduzir o volume dos resultados e com maior praticidade na interpretação, justificando seu uso em abordagens futuras.

### Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio financeiro recebido da CAPES, FAPESB e CNPq e a UESB pela concessão dos animais experimentais.

### Literatura citada

- CRUZ, C.D. **Programa Genes: Biometria**. 1.ed. Viçosa: UFV, 2009. 382p.
- GOWER, J. C. A General coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v.27, p.857-871, 1971.
- MONTEIRO, E.R.; BASTOS, E.M.; LOPES, A.C.A. et al. Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. **Ciência Rural**, v.40, p.288-293, 2010.
- ROCHA, M.C.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R. et al. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.32, p.423-431, 2010.
- VENDRAMINI, J.M.; NEVES, L.G.; BARELLI, M.A.A. et al. Otimização do uso dos descritores morfo-agronômicos de mandioca em análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, p.906-913, 2011.