

Anais Eletrônicos



XVIII Simpósio de Genética

25 a 27 de novembro de 2015

Apoio:



Agilent Technologies



EQUIPE DE EXECUÇÃO:

Comissão Organizadora

Coordenadora: Prof^ª. Dr^ª. Mary Massumi Itoyama e Prof^ª. Dr^ª. Ana Elizabete Silva

Discentes: Bruna Memari Trava
Cássia Suzuki Caires
Fernanda Fernandez Madeira
Isabela Gertrudes Batalhão
Kaio Cesar Chaboli Alevi
Luís Lenin Vicente Pereira
Mariana Salvarani
Maryanna Cristiano Simão
Nayara F. C. Castro
Tatiane Seni de Souza Firmino

Examinadores dos trabalhos científicos:

Biologia Celular e Molecular

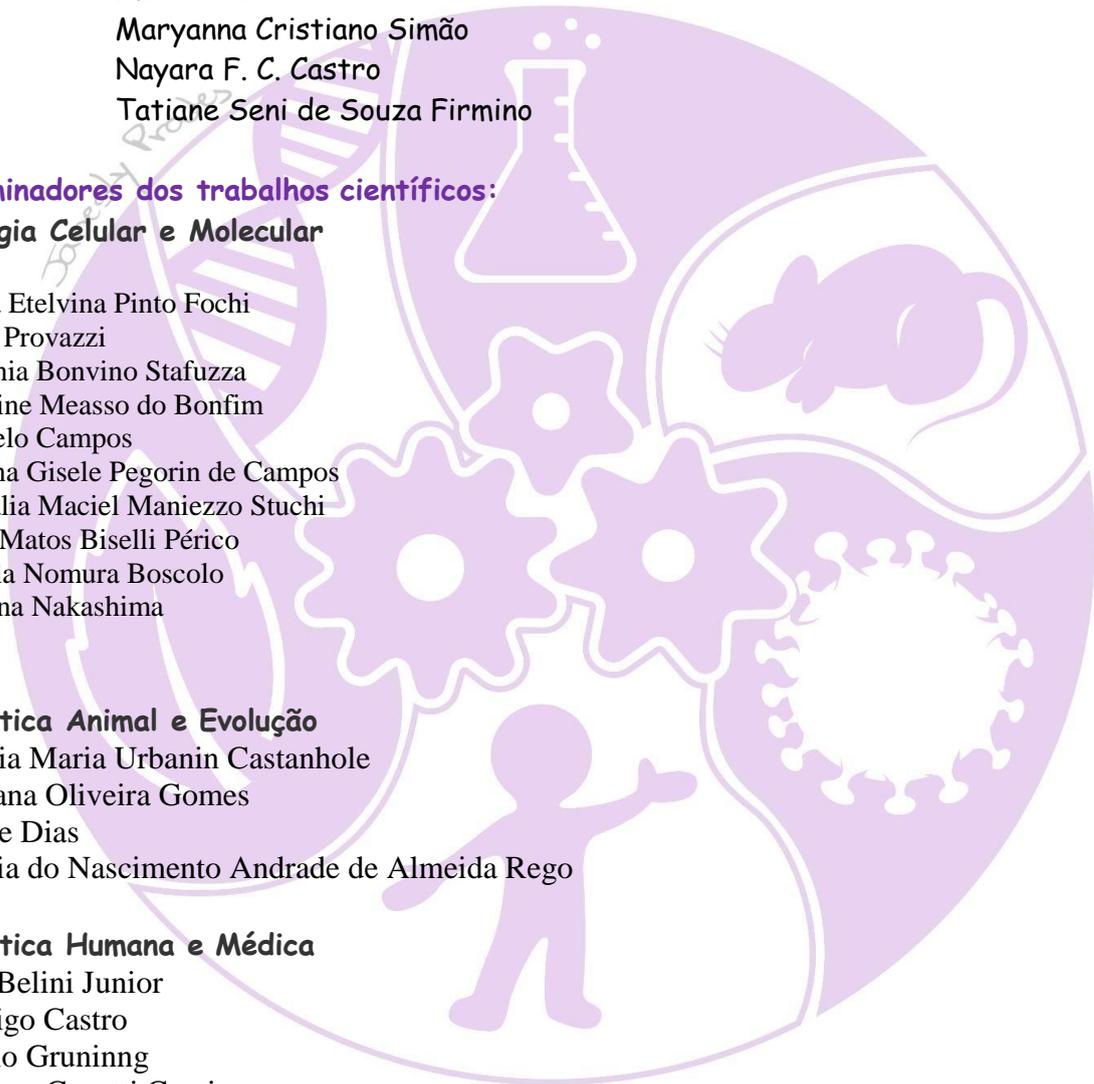
Maria Etelvina Pinto Fochi
Paola Provazzi
Nedenia Bonvino Stafuzza
Caroline Measso do Bonfim
Marcelo Campos
Silvana Gisele Pegorin de Campos
Nathália Maciel Maniezzo Stuchi
Joice Matos Biselli Périco
Camila Nomura Boscolo
Fabiana Nakashima

Genética Animal e Evolução

Márcia Maria Urbanin Castanhole
Mariana Oliveira Gomes
Elaine Dias
Letícia do Nascimento Andrade de Almeida Rego

Genética Humana e Médica

Edis Belini Junior
Rodrigo Castro
Danilo Gruning
Gustavo Capatti Cassiano



8. Análise de agrupamento hierárquico e não hierárquico de valores genéticos para características de desempenho em uma linha paterna de frangos de corte

MARCHESI, J. A. P.¹; BERNARDES, P. A.¹; PEIXOTO, J. O.²; LEDUR, M. C.²; MUNARI, D. P.¹

¹ Departamento de Ciências Exatas –FCAV/UNESP, Jaboticabal-SP.

² Embrapa Suínos e Aves, Concórdia-SC.

INTRODUÇÃO

O consumo de carne de aves aumentou drasticamente nos últimos anos e considerando a crescente demanda por esse produto, foi necessário levar em conta melhorias no processo de seleção de frangos, tais como maior eficiência no crescimento corporal, conversão alimentar e rendimento de carcaça (LEDUR et al., 2011; USDA, 2015).

O ganho de peso depende da genética e do aproveitamento dos nutrientes ingeridos assim como do quanto a ave consome e quanto esta consegue converter nutrientes em tecido muscular (MOREIRA et al., 2003). Assim, a avaliação de características de interesse econômico em frangos de corte se torna importante, devido à variabilidade encontrada nas diferentes linhagens, resultante do processo de seleção para características de desempenho (AGGREY et al., 2010). Neste contexto, as análises de agrupamento podem ser utilizadas para explorar a estrutura de conjuntos de dados e definir grupos homogêneos de animais com valores genéticos próximos para diferentes características dentro de uma população, a fim de poder auxiliar o processo de seleção destas características (WARD, 1963).

OBJETIVO

O presente trabalho objetivou utilizar análises multivariadas de agrupamento hierárquico e não hierárquico para explorar o perfil dos valores genéticos para características de desempenho em uma linha paterna de frangos de corte.

MATERIAL E MÉTODOS

Para este estudo foram utilizados dados fenotípicos de 1.453 frangos de uma linha paterna pura de corte provenientes da população referência TT desenvolvida pela Embrapa Suínos e Aves. O conjunto de pedigree era composto por 1.567 animais, e as características de desempenho analisadas neste trabalho foram: conversão alimentar (CA3541), consumo de ração (CR3541) e ganho de peso (GP3541) obtidos dos 35 aos 41 dias de idade e peso aos 41 dias de idade (P41).

Para a preparação do arquivo de dados o programa SAS (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA) foi utilizado. Os efeitos fixos de sexo e incubação testados foram significativos ($P < 0,05$) para todas as características estudadas. Os valores genéticos preditos foram obtidos por modelo animal multicaracterística, utilizando método de máxima verossimilhança restrita (REML) no programa WOMBAT (MEYER, 2007). Para a análise multivariada de agrupamento hierárquico e não hierárquico utilizou-se o programa R, e para isso foram utilizados os valores genéticos preditos para as características.

A análise de agrupamento hierárquico evidencia a homogeneidade dentro do grupo e a heterogeneidade entre os grupos. A distância euclidiana foi utilizada para medir a dissimilaridade entre os indivíduos e o algoritmo de agrupamento foi pelo método de Ward (WILKS, 2006). Neste método, a mínima soma de quadrados dentro dos grupos é usada como medida de homogeneidade. A análise de agrupamento não hierárquico foi utilizada para explorar o perfil dos valores genéticos para as

características nos agrupamentos utilizando o número de grupos definidos pelo agrupamento hierárquico. Neste agrupamento foi utilizado o método K-means, que busca agrupar os animais segundo a semelhança entre eles. Este método estabelece os grupos pela distância euclidiana entre os dados e os centróides (WILKS, 2006). Para as análises de agrupamento foram utilizados os valores padronizados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da análise de agrupamento hierárquico foi possível dividir a população em quatro agrupamentos (Figura 1). Estes foram então caracterizados por meio da análise não hierárquica (Figura 2). Nesta segunda análise, 460 animais foram classificados no Grupo um, 329 no Grupo dois, 309 no Grupo três e 458 no Grupo quatro, totalizando 1556 registros.

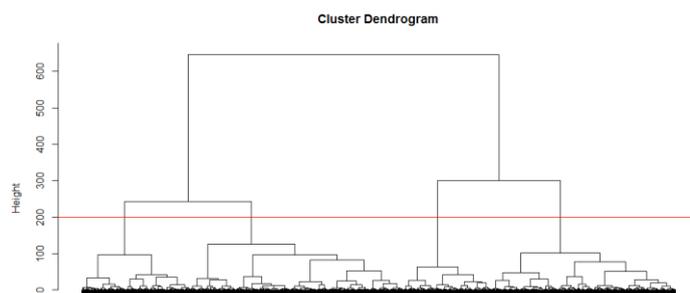


Figura 1 - Dendrograma representando os agrupamentos dos animais obtidos pela análise de agrupamento hierárquico.

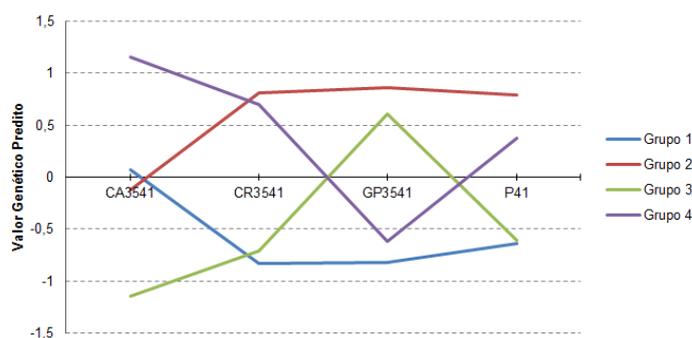


Figura 2 – Médias de valores genéticos preditos para Conversão Alimentar (CA3541), Consumo de Ração (CR3541), Ganho de Peso (GP3541) e Peso aos 41 dias (P41) para os quatro grupos formados pela análise de agrupamento não hierárquico.

Pela análise de agrupamento não hierárquico (Figura 2) verificou-se a existência de variabilidade genética entre os indivíduos da população avaliada. Pode-se identificar também que para a característica Conversão Alimentar (CA3541), os animais que apresentaram a menor média de valor genético foram os pertencentes ao Grupo três, seguidos pelo Grupo dois. No entanto, para as demais características o Grupo três apresentou valores inferiores (GP3541) e até negativos (P41). O Grupo dois ainda destacou-se por apresentar a maior média de valor genético para P41, característica esta que possui alto valor de herdabilidade ($h^2=0,46\pm 0,07$) e é de grande importância para a produção avícola.

CONCLUSÃO

A população de estudo é uma população heterogênea e pode ser subdividida em quatro grandes grupos de indivíduos com valores genéticos semelhantes. Os animais do Grupo dois seriam os mais indicados para serem selecionados para as características estudadas, pois apresentaram melhores médias de valores genéticos para CA3541, GP3541 e P41.

Auxílio Financeiro: Bolsa de estudos de Marchesi concedida pelo programa Capes-Embrapa (Edital 15/2014), bolsa de estudos de Bernardes concedida pela CAPES (PPGGMA), bolsa de produtividade de Munari concedida pelo CNPq.

REFERÊNCIAS

AGGREY, S. E.; KARNUAH, A. B.; SEBASTIAN, B.; ANTHONY, N. B. Genetic properties of feed efficiency parameters in meat-type chickens. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, n. 25, p. 2-5, 2010.

LEDUR, M. C.; PEIXOTO, J. O.; SCHMIDT, G. S. Novos rumos da genética no desenvolvimento avícola. **Revista Avicultura Industrial**, v.102, n.1196, p. 12- 16, 2011.

MEYER, K. WOMBAT- A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University of Science B**. v.8, p.815-821, 2007.

MOREIRA, J.; MENDES, A. A.; GARCIA, E. A.; OLIVEIRA, R. P.; GARCIA, R. G.; ALMEIDA, I. C. L. Avaliação de desempenho, rendimento de carcaça e qualidade de carne do peito em frangos de linhagens de conformação versus convencionais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 6, p. 1663-1673, 2003.

USDA – UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Livestock and Poultry: World Markets and Trade. 2015. Disponível em: <http://usda.mannlib.cornell.edu/usda/current/livestock-poultry-ma/livestock-poultry-ma-04-09-2015.pdf>. Acesso em: 27/10/2015.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of American of Statistical Association**. v. 58, p. 236-244, 1963.

WILKS, D. S. Statistical Methods in the Atmospheric Sciences. 2 ed. Elsevier International Geophysics Series, Vol. 91, 627 p. 2006.