

ANÁLISE MULTIVARIADA PARA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE 7 LINHAGENS DE FRANGO COLONIAL PARA RENDIMENTO DE CARÇAÇA, UTILIZANDO COMPONENTES PRINCIPAIS.

Pedro Vital Brasil Ramos^{1*}, Tulio José de Freitas Goes², Rodolpho de Almeida Torres Filho.³

1. Estudante de IC da Fac.de Medicina Veterinária da UFF

2. Doutorando da Fac. de Medicina Veterinária da UFF

3. Faculdade de Medicina Veterinária- UFF, Niterói-RJ. Departamento de Zootecnia e Desenvolvimento Agrossocioambiental Sustentável / Orientador

Resumo:

Foi feita análise multivariada para avaliar a divergência genética entre 7 linhagens de frango colonial: Pesadão Vermelho (OS), Pescoço Pelado (PP), Colorpack (CPK), Caboclo (CBC), Gigante Negro (GNG), Tricolor (TRC) e Carijó (CG), para rendimento de carcaça, utilizando componentes principais.

Foram analisadas doze variáveis de rendimento de carcaça e a variável peso vivo. As análises estatísticas foram feitas utilizando-se o programa SAS. Os resultados do teste de Shapiro-Wilkov evidenciaram que todas as variáveis de rendimento tiveram efeito significativo para linhagem genética à nível de 5% de significância ($p < 0,05$), exceto: sobrecoxa (0,5142), dorso (0,0869) e coração (0,1564). As características rendimento de carcaça, peito e peso vivo foram aquelas que causaram maior diferença entre linhas genéticas. As linhas Carijó e Pescoço Pelado demonstraram ser melhores para as características avaliadas na pesquisa.

Palavras-chave: Análise Multivariada; Frango Colonial; Rendimento de Carcaça

Apoio financeiro: CNPQ

Trabalho selecionado para a JNIC pela instituição: Universidade Federal Fluminense

Introdução:

A hibridação é utilizada com frequência na elaboração de programas de melhoramento de aves, onde o sucesso depende das diferenças genéticas dos progenitores. Desta forma, indivíduos de maior valor produtivo podem ser gerados utilizando progenitores com diversidade genética e alto índice produtivo. (PIASSI et al., 1995). Estudos de divergências genéticas podem ser utilizados para avaliar a superioridade de certos genótipos e suas diferenças para utilização como progenitores em programas de hibridação e relacionar estas com a heterose (PIASSI, 1994). Quando é considerado um conjunto de variáveis que

podem apresentar correlação genética, as informações obtidas através de análises de uma única característica podem ser incompletas, neste caso, o uso da análise multivariada é de grande importância.

Sendo assim, várias técnicas de análise multivariadas podem ser utilizadas para prever a divergência genética entre os genótipos, entre as quais são citadas a análise por meio de variáveis canônicas, a análise de agrupamento e a análise por meio de componentes principais.

Os objetivos do presente trabalho foi avaliar o comportamento de 7 linhagens de matrizes de frangos de corte e estudar a divergência genética entre estas linhagens utilizando técnicas de análise multivariada por meio dos componentes principais.

Metodologia:

As informações utilizadas neste trabalho foram provenientes de aves de uma base de dados criada a partir de um experimento de campo, conduzido no Setor de Avicultura do Departamento de Zootecnia (DZO) da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Macuri (UFVJM).

Foram analisadas as variáveis de rendimento: asa (AS), carcaça (CA), coração (CO), coxa (CX), dorso (DS), fígado (FI), gordura (GO), moela (MO), pés (PS), peito (PE), sobrecoxa (SC), víscera (VI) e a variável peso vivo (PV). As análises estatísticas foram feitas utilizando-se o programa SAS. Todas as variáveis de rendimento tiveram efeito significativo para linhagem genética à nível de 5% de significância ($p < 0,05$), exceto: SC ($p = 0,5142$), DO ($p = 0,0869$) e CO ($p = 0,1564$). Foi realizado o teste de Shapiro-Wilkov para verificar a distribuição normal das variáveis. Todas as variáveis apresentaram distribuição normal para nível à 5% de significância, exceto: CA ($p = 0,0167$) e FI ($p = 0,008$). Após realizado o teste de Brown-Forsythe para verificar a homogeneidade das variâncias, apenas as variáveis PV ($p = 0,0286$), AS ($p = 0,0477$) e FI ($p = 0,0058$) não apresentaram variâncias

homogêneas a nível de 5% de significância.

Foi utilizada uma transformação logarítmica dos dados que não apresentaram distribuição normal e variâncias não homogêneas. Posteriormente foi realizada uma análise multivariada através do método de componentes principais. As variáveis que não foram significativas para efeito genético não foram incluídas na análise.

A escolha dos componentes principais a serem utilizados foi através do critério de Kaiser, escolhendo apenas os Componentes Principais (CP) que obtiveram autovalores maior que 1.

Foi realizada uma correlação de Pearson entre os componentes principais e as variáveis que apresentaram efeito para genótipo, para verificar o peso de cada variável na diferença genética entre linhagens.

Resultados e Discussão:

Determinou-se a utilização dos componentes principais 1 ($\lambda_1 = 6,0489$) e Componente principal 2 ($\lambda_2 = 1,2648$) através do critério de Kaiser, por apresentarem autovalores superior a 1. (Tabela 1)

Tabela 1: Resultado da análise multivariada apresentando Componentes Principais (CP), seus autovalores (λ_i) e percentagens da variância ($\% \sigma^2$) obtidas dos Componentes Principais.

Componentes Principais	λ_i	$\% \sigma^2$ (para λ_i)	$\% \sigma^2$ (acumulada)
CP1	6,0489	0,6049	0,6049
CP2	1,2648	0,1265	0,7314
CP3	0,7318	0,0732	0,8046
CP4	0,5824	0,0582	0,8628
CP5	0,4424	0,0442	0,907
CP6	0,3123	0,0312	0,9383
CP7	0,2265	0,0227	0,9609
CP8	0,1849	0,0185	0,9794
CP9	0,1247	0,0125	0,9919
CP10	0,0812	0,0081	10,000

As variáveis que apresentaram maior influência no componente principal 1 (CP1) foram CA (0,94), PE (0,87), PV (0,80). As variáveis que apresentaram maior influência no componente principal 2 (CP2) foram: PE (0,49), VI (0,37) e FI (0,34). (Tabela 2)

Tabela 2: Correlação entre os componentes principais (CP) e o peso de cada característica analisada: peso vivo (PV), carcaça (CA), peito (PE), coxa (CX), asa (AS), viscera (VI), fígado (FI), moela(MO), gordura (GO), pés (PS).

CP	PV	CA	PE	CX	AS	VI	FI	MO	GO	OS
CP1	0,7981	0,9440	0,8694	-0,8287	-0,7962	-0,7138	-0,2430	-0,7686	0,4984	-0,7988
	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	0,2127	<,0001	0,007	<,0001
CP2	0,1343	-0,2779	0,4874	-0,0790	0,0031	0,3734	0,3440	-0,0013	0,1097	-0,1253
	0,4955	0,1522	0,0085	0,6894	0,9876	0,0503	0,0730	0,9948	0,5783	0,5254

Na Tabela 3 se encontram as médias do componente principal 1(CP1) e 2(CP2) de acordo com os grupos genéticos avaliados. Os grupos genéticos CPK e OS obtiveram as maiores médias no CP1 e como dito anteriormente possuem maior composição das características CA, PE e PV, indicando que essas duas linhagens possuem melhores observações nessas características. Os grupos genéticos GNG e CBC obtiveram as menores médias.

Para o CP2, que possui maior composição das características PE, VI e FI, os grupos genéticos que apresentaram as maiores médias foram o CG e PP, e os que obtiveram menores médias foram o CBC e CPK, indicando que essas linhagens serão melhores e piores respectivamente para essas características. A linhagem CPK apesar de ter sido a maior média para o componente principal 1 apresentou a segunda menor média para o componente principal 2, indicando que é uma boa linhagem para se utilizar para as características CA, PE e PV, porém possui um baixo desempenho para as características VI e FI.

A linhagem CBC possui as piores médias tanto para o CP1 quanto para o CP2, demonstrando ser uma linhagem com desempenho ruim para todas características citadas anteriormente.

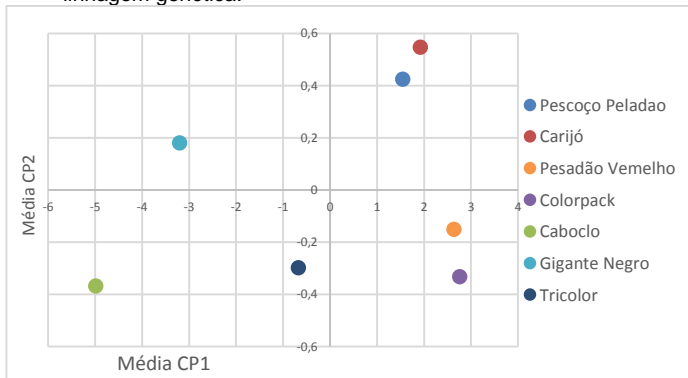
Tabela 3: Média dos componentes principais (CP1 e CP2) para cada linhagem genéticas: CBC, CG, CPK, GNG, PP, OS, TRC.

Grupo Genético	Média(CP1)	Média(CP2)
CBC	-4,988	-0,368
CG	1,921	0,547
CPK	2,761	-0,333
GNG	-3,202	0,180
PP	1,549	0,424
OS	2,635	-0,151
TRC	-0,676	-0,299

Na Figura 1 se encontram as localizações das médias dos componentes principais 1 e 2 para cada linhagem, em um gráfico bidimensional. Através da dispersão gráfica é evidenciando a superioridade e semelhança das linhagens Carijó e Pescoço Pelado, com médias localizadas próximas, no quadrante superior direito, positivas para os dois componentes principais; a semelhança das linhagens Pesadão Vermelho e Colorpack e a divergência destes dois pares semelhantes e das linhagens: Caboclo, Gigante Negro e Tricolor

Figura 1: Dispersão Gráfica das 7 linhagens de frango de corte com relação a média do componente principal 1 e 2 para cada linhagem genética.

Federal de Viçosa, 1994.



Conclusões:

Os dois primeiros componentes principais explicaram aproximadamente 80% da variância total, indicando que são suficientes para se utilizar em uma análise multivariada, necessitando de apenas dois fatores para seleção de 12 características simultaneamente. Pode-se concluir que a maioria das características de rendimento possuem efeito genético que devem ser levadas em consideração nas diferenças entre linhagens.

As características rendimento de carcaça, peito e peso vivo foram aquelas que causaram maior diferença entre linhas genéticas, demonstrando o foco da produção de frango de corte nessas características em todas as linhagens. A média dos componentes principais (Cp1 e Cp2) para cada linhagem genética evidencia a semelhança entre os produtos: Carijó e Pescoço Pelado; Pesadão Vermelho e Colorpack, indicando que estes pares apresentam desempenho produtivo semelhante, levando em consideração todas as variáveis. As linhagens Carijó e Pescoço Pelado demonstraram ser as melhores para as características avaliadas na presente pesquisa.

Referências bibliográficas

PIASSI, M., SILVA, M.A., REGAZZI, A.J., TORRES, R.A., SOARES, P.R., TORRES JR., R.A.A. Estudo da divergência entre oito grupos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. Rev. Soc. Bras. Zootec., v. 24, n.5, p.715-727, 1995b.

PIASSI, M.A. Avaliação do desempenho de linhagens de postura mantidas na Universidade Federal de Viçosa, em competição com marcas comerciais. Viçosa, MG: UFV, 1994, 86p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade