



## ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA GANHO DE PESO USANDO INFERÊNCIA BAYESIANA PARA COELHOS CRIADOS EM AMBIENTES DIFERENCIADOS

Alexandre Leseur dos Santos<sup>1</sup>; Elias Nunes Martins<sup>2</sup>, Cláudio Scapinello<sup>2</sup>,  
Fernanda Granzotto<sup>1</sup>

**RESUMO:** O presente trabalho foi desenvolvido na Fazenda Experimental da Universidade Estadual de Maringá, situada na cidade de Iguatemi, no período de setembro de 2005 a novembro de 2006, no setor de Cunicultura. Foram avaliados coelhos da raça Nova Zelândia Branco, criados em gaiolas individuais ou coletivas no período de 50 a 70 dias de idade, com o objetivo de estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos em teste de desempenho para ganho de peso de coelhos submetidos a dois ambientes (gaiolas individuais e coletivas), utilizando inferência Bayesiana. Realizou-se uma análise bicaráter. No teste de desempenho a herdabilidade para ganho de peso no ambiente coletivo foi de 0,42 (0,34-0,50) e no individual de 0,56 (0,31-0,83). A correlação genética (0,68) e a correlação fenotípica (0,30) foram positivas quando avaliada a mesma característica em ambientes diferentes, demonstrando que os animais têm comportamentos parecidos para a conversão alimentar em ambos os ambientes. O estudo demonstrou que o teste de desempenho em gaiolas coletivas ou individuais para ganho de peso pode-se resultar em progresso genético, já que os componentes de (co)variância e as estimativas são próximas para animais criados tanto em ambiente coletivo como individual.

**PALAVRAS-CHAVE:** herdabilidade, ganho de peso, correlação genética, inferência bayesiana

### 1 INTRODUÇÃO

Peso ao abate, ganho de peso, consumo de ração e conversão alimentar são características que devem merecer especial atenção em programas de melhoramento de coelhos (Polastre, 1990). Para que isso seja possível, informações sobre parâmetros genéticos e fenotípicos dessas características são necessárias (Khalil et al., 1986).

Para utilização em programas de melhoramento genético é de extrema importância uma correta estimação dos parâmetros genéticos. Entretanto devido as diferenças entre os animais, populações, manejo, ambiente, metodologia para análise, entre outras características, estas estimativas podem ser viesadas, tornando incorreto os resultados.

Um dos métodos que estão sendo utilizados para aperfeiçoamento da estimação dos componentes de variância, é a metodologia Bayesiana, muito utilizada por diversos pesquisadores, por se poder lançar mão das distribuições a posteriori dos componentes estudados.

<sup>1</sup> Doutorando em Zootecnia – Área de Concentração Produção Animal – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá – PR. – [aleseur@universia.com.br](mailto:aleseur@universia.com.br)

<sup>2</sup> Prof. Dr. do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – Universidade Estadual de Maringá (UEM) – Maringá – PR.

Um parâmetro para avaliar a relação entre duas variáveis é a correlação que reflete o grau de associação entre caracteres, utilizando seu conhecimento pode-se estimar a correlação genética entre duas características. Isto tem importância porque mostra como a seleção para um caráter influencia a expressão de outras características. Nos programas de melhoramento, geralmente, além de se visar o aprimoramento de um caráter principal, busca-se também manter ou melhorar a expressão de outros caracteres simultaneamente.

Este trabalho teve como objetivo estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos em teste de desempenho para ganho de peso de coelhos submetidos a dois ambientes (gaiolas individuais e coletivas), no período de 50 a 70 dias de idade.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados analisados neste estudo foram coletados no período de setembro de 2005 a novembro de 2006, no setor de cunicultura da Fazenda Experimental Iguatemi da Universidade Estadual de Maringá.

O experimento iniciou-se com uma população 36 machos e 108 fêmeas de coelhos da raça Nova Zelândia Branco, tomados ao acaso. Estes foram acasalados onde os F1's foram criados em gaiolas coletivas ou individuais. Os animais foram desmamados aos 32 dias e criados em ninhada até os 47 dias de idade, a partir deste momento foram alojados em gaiolas individuais (por sorteio) e os outros permaneceram em gaiolas coletivas (primeiro parto de cada fêmea, invertendo no próximo parto). Cada animal teve a sua disposição água e ração à vontade. Aos 50 dias iniciou-se a coleta dos dados, por um período de 20 dias até os animais completarem 70 dias de idade, idade a qual os animais atingem peso de abate, entre 2,0 a 2,5 kg, estimativas comerciais.

Os dados foram analisados por meio do software MTGSAM - Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models (Van Tassel e Van Vleck, 1995). Para a realização da análise foi utilizado um modelo animal que inclui o efeito genético direto. Foi considerado tamanho de ninhada como covariável para todas as características, e ambiente, data de nascimento e sexo como efeitos fixos. O animais foram separados por grupos genéticos ou grupos de contemporâneos. O ganho de peso em ambientes diferenciados foi considerado como características distintas, ganho de peso dos animais criados no ambiente 1 (GP1) e ganho de peso dos animais criados no ambiente 2 (GP2).

Para a realização do teste de desempenho, foi realizada uma análise bicaráter, obtendo assim as estimativas para componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos, também como méritos genéticos, para serem utilizados nas respectivas análises de desempenho dos animais avaliados.

Ao final do período experimental foram obtidos dados de performance de 2294 animais dos quais 200 foram criados individualmente e 2094 foram criados em gaiolas coletivas. Desses, os F2's foram 1887 animais. Considerando todos os animais, a matriz de parentesco envolveu 2597 animais.

As avaliações genéticas resultaram em méritos genéticos para os animais em cada característica, o que possibilitou o cálculo da correlação genética entre as características avaliadas.

Para realização da análise utilizou-se um tamanho de cadeia de Gibbs de 5.500.000 ciclos com descarte inicial dos primeiros 500.000 ciclos (*burn-in*), com uma amostragem a cada 1.000 ciclos (*thinning interval*) gerando de 5.000 amostras dos componentes de variâncias e valores genéticos para cada animal conforme a característica. De acordo com Van Tassel & Van Vleck (1995) procedimentos de retiradas de amostras a grandes intervalos assegura que a correlação entre as amostras seja nula ou muito pequena.

V EPCC

CESUMAR – Centro Universitário de Maringá  
Maringá – Paraná – Brasil

A convergência das cadeias de Gibbs para distribuições estacionárias foi testada por meio dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementado no programa R (2004). Foram construídos intervalos de credibilidade para todos os componentes de (co)variância estimados.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de herdabilidade para a característica ganho de peso nos dois ambientes testados estão descritos na Tabela 1. Observando que para ganho de peso no ambiente 1 foi de 0,42 e no ambiente 2 de 0,56.

TABELA 1: Estimativas de herdabilidade para as características ganho de peso (GP) e conversão alimentar (CA) e respectivos intervalos de credibilidade (P=0.9), desvio padrão, e erro padrão nos dois ambientes.

Características	Médias	Intervalo de Credibilidade	Desvio Padrão	Erro Padrão
$h_{GP1}^2$	0,42	0,34 – 0,50	0,0492	0,0004
$h_{GP2}^2$	0,56	0,31 – 0,83	0,1591	0,0015

Para o ganho de peso nos dois ambientes, as herdabilidades estimadas neste trabalho não diferem quando comparadas aos valores das estimativas encontradas por Santos et al. (2006) de 0,33 e 0,47 e das obtidas por Garrido (2001) de 0,38 e 0,35 para os ambientes 1 e 2 respectivamente. Deve-se levar em consideração que para obtenção destas estimativas de herdabilidades, os autores utilizaram dados de desempenho dos coelhos criados em um ou em outro ambiente, desconsiderando dados de suas progênes. Moura et al. (1991) afirmam que a herdabilidade para ganho de peso em coelhos encontrada na literatura pode estar entre 0,34 e 0,60, o que vem a corroborar os resultados encontrados.

Simonelli (1996), McNitt & Lukefahr (1996) e Su et. al. (1999) utilizando metodologia freqüentista, encontraram estimativa de herdabilidade para a característica ganho de peso em coelhos em torno de 0,17.

A correlação genética entre ganho de peso nos dois ambientes foi de 0,68 e a correlação fenotípica foi de 0,30, consideradas moderadas, o que sugere que parte dos indivíduos tem comportamento semelhante para ganho de peso em ambos os ambientes. Porém, alguns indivíduos conseguem adaptar-se ao ambiente diferenciado ou sofrer com esta diferença, isso possivelmente devido à interação que o animal exerce com o ambiente onde ele é mantido.

Uma correlação genética significativa ocorreu entre o ganho de peso nos dois ambientes avaliados. A seleção para ganho de peso em algum dos ambientes, para suas proles serem criadas em outro, permite uma resposta significativa.

Garrido (2001) encontrou estimativas de componentes de variância para efeito genético direto para ganho de peso nos dois ambientes de 124,11 e 113,18, demonstrando uma baixa variação, porém em desconformidade com as estimativas aqui encontradas, diferindo também na covariância encontrada entre o ganho de peso nos dois ambientes, como observado na Tabela 2.

O presente trabalho apresentou elevadas estimativas para o componente de variância fenotípica (Tabela 2) quando comparados aos encontrados por Garrido (2001) que relatou estimativas para o componente de variância fenotípica para ganho de peso de 345,33 e 290,97 nos ambientes 1 e 2, respectivamente.

Analisando os erros padrões descritos na Tabela 2, pode-se verificar que os componentes de (co)variância tanto para a característica ganho de peso como conversão alimentar foram estimados com alta precisão.

TABELA 2: Estimativas dos componentes de (co)variâncias genética aditiva, fenotípicas e respectivos intervalos de credibilidade (P=0,9), desvio padrão, e erro padrão para o efeito genético aditivo e fenotípico para a característica ganho de peso (GP) nos dois ambientes

(co)variâncias	Média	Intervalo de Credibilidade	Desvio Padrão	Erro Padrão
<i>Aditiva</i>	-	-	-	-
$\sigma_{GP1}^2$	4158,0	3202,87 – 5198,00	607,50	5,5448
$\sigma_{GP2}^2$	6708,00	3300,61 – 11290,00	2455,00	22,4049
$\sigma_{GP1 \times GP2}$	2242,00	785,23 – 3736,00	893,30	8,1541
<i>Fenotípica</i>	-	-	-	-
$\sigma_{GP1}^2$	9966,0	9345,06 – 10640,0	397,10	3,6248
$\sigma_{GP2}^2$	11880,0	9803,61 – 14420,0	1416,00	12,9269
$\sigma_{GP1 \times GP2}$	2856,00	-2846,72 – 7823,0	3511,00	32,0459

#### 4 CONCLUSÃO

O estudo demonstrou que o teste de desempenho em gaiolas coletivas ou individuais para ganho de peso pode-se resultar em progresso genético.

Os componentes de (co)variância e as estimativas são próximas para animais criados tanto em ambiente coletivo como individual.

#### REFERÊNCIAS

GARRIDO, D.A.D., **Parâmetros genéticos e fenotípicos para características de desempenho de coelhos da raça Nova Zelândia Branca, usando inferência Bayesiana.** Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2001. 74p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – UEM – Universidade Estadual de Maringá – Maringá-PR, 2001,

KHALIL, M.H., OWEN, J.B., AFIF, E.A. A review of phenotypic and genetic parameters associated with meat production traits in rabbit. **Animal Breeding Abstract**, v 54 n 9: p 725-749, 1986.

McNITT, J.I., LUKEFHAR, S.D. Genetic and environment parameters for postweaning growth traits of rabbits using an animal model. *Worlds Rabbit Congress.*, 6, 1996, Toulouse: France. **Proceedings...** Toulouse, 1996. Vol2:325-329.

MOURA, A.S. A M. T., POLATRE, R, CARMELO, M. J. Genetic study of individual performance from weaning to slaughter in selecte rabbits. **Journal Applied Rabbit Research.** v 14: p 228-234, 1991.

POLASTRE, R. **Seleção em coelhos para o desempenho da ninhada e crescimento individual: estimação e ponderação de efeitos genéticos direto e materno.** Botucatu, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia – UNESP, 1990, 124p. (Tese Livre Docência) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia – UNESP, 1990.

R Development Core Team (2004). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

SANTOS, A.L. MARTINS, E.N. SCAPINELLO, C. Evaluation of the genotype x environment interaction in weight gain of rabbits submitted to two different environments. In: 8<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte. **Anais...** August 13-18, 2006. Belo Horizonte, MG – 2006.

SIMONELLI, S.M. **Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos de características pós-desmama em coelhos**. Maringá, PR: UEM, 1996, 21p. Monografia (Graduação em Zootecnia) – Universidade Estadual do Maringá, 1996.

SU, G., KJAER, IB., SORENSEN P. 1999. Estimatives of genetic parameters in danish white rabbits using an animal model: I growth and carcass traits. **World Rabbit Science**, 7(2):59-64.

VAN TASSEL, C. P., VAN VLECK, L. D. A manual for use of MTDGSAM. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation. (DRAFT) Lincoln: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995. 86p.