

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DE PESO
CORPORAL AO ABATE E CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA
EM CRUZAMENTOS RECÍPROCOS DE AVES.**

Beatriz do Nascimento Nunes
Médica Veterinária

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL
Dezembro de 2007

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS JABOTICABAL**

**PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DE PESO CORPORAL
AO ABATE E CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM CRUZAMENTOS
RECÍPROCOS DE AVES.**

Beatriz do Nascimento Nunes

Orientador: Prof. Dr. Danísio Prado Munari

Co-Orientadora: Pesq. Dra. Mônica Corrêa Ledur

Dissertação de Mestrado apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal.

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL
Dezembro de 2007

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

BEATRIZ DO NASCIMENTO NUNES – nascida em 27 de Maio de 1978, na cidade de Barretos, São Paulo, filha de Onibar Nunes Freitas e Silvia Aparecida do Nascimento. Iniciou o curso de Medicina Veterinária na Faculdade de Ciência Agrárias, Universidade de Marília (UNIMAR) em fevereiro de 1998 e obteve o título de Médica Veterinária em dezembro de 2002. Em março de 2006, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciência Agrárias e Veterinárias – UNESP – Campus Jaboticabal, sob orientação do Prof. Dr. Danísio Prado Munari e co-orientação da Pesq. Dra. Mônica Corrêa Ledur. Foi bolsista CAPES no período de Março de 2006 a Setembro de 2007.

Sempre foi do mesmo jeito quando não queria mais;
Os sonhos e pensamentos que você deixou para traz;
Começar é sempre tempo se souber que é capaz;
E o medo sai de dentro se os erros são normais.

Então voa para encontrar o seu caminho,
Saber que conseguiu trilhar o seu destino,
Ter a chance de viver com a certeza de saber que você viveu,
E que valeu!

Se pensar no que tem feito vai sentir que não dá mais,
Pergunte a si mesmo o que te faz sorrir mais.
Não guarde pra você uma vida de "tanto faz".
Uma luta, um sonho e o tempo para viver em paz.

Então voa para encontrar o seu caminho,
Saber que conseguiu trilhar o seu destino,
Ter a chance de viver com a certeza de saber que você viveu,
E que valeu!

Já é a hora de começar.
Você não pode mais demorar a encontrar o verdadeiro, o seu
sentido de viver.
O tempo não pode esperar,
Um minuto pode lhe faltar,
É agora ou não!

(Mateus Rott)

À minha mãe - Silvia, minha irmã - Paula;
Ao meu pai - Onibar, sempre cúmplice de todas as minhas
"aventuras";
Ao Mateus, maior "culpado" por essa dissertação.

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. **Danísio**, por ser um grande exemplo de profissional e pessoa desde a graduação.

A Pesq. **Mônica**, pela co-orientação e pelas valiosas sugestões e críticas apresentadas que muito contribuíram na interpretação dos resultados.

A Pesq. **Claudia** e ao Prof. **João Ademir** - membros da banca examinadora - pelas críticas e sugestões que enriqueceram meu trabalho.

A Prof. Sandra, pela atenção dada ao meu trabalho.

Aos **professores e funcionários do departamento de ciências exatas**, pela confiança e por proporcionarem um ambiente de estudo agradável e familiar.

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias “Julio de Mesquita Filho” – UNESP, **aos funcionários do Setor de Pós-Graduação** pela atenção e a CAPES pela concessão de bolsa de estudos.

A **EMBRAPA** Suínos e Aves pelos dados gentilmente cedidos a mim.

Aos **meus pais** (Onibar e Silvia) por respeitarem e acreditarem nos meus sonhos.

A **minha irmã** (Paula) por torcer sempre para meu sucesso pessoal e profissional.

A **minha tia** (Cida) por estar sempre me apoiando em todas minhas decisões.

A **minha amiga** (Patrícia) por ser a maior cúmplice de tudo que faço, e pelo amor incondicional a mim.

Aos **meus familiares**, por estarem sempre ao meu lado me incentivando.

Aos **meus amigos**, por terem participado direta ou indiretamente de mais essa conquista.

Ao **Mateus**, meu grande amor.

A Deus por me provar sua presença a cada dia.

SUMÁRIO

	Página
INTRODUÇÃO.....	1
OBJETIVOS.....	4
REVISÃO DE LITERATURA.....	4
Características Estudadas.....	4
Parâmetros Genéticos.....	5
Associações Genéticas.....	7
MATERIAL E MÉTODOS.....	8
População experimental.....	8
Características estudadas.....	10
Análises estatísticas.....	11
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	14
CONCLUSÕES.....	38
BIBLIOGRAFIA.....	39

PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DE PESO CORPORAL AO ABATE E CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM CRUZAMENTOS RECÍPROCOS DE AVES.

RESUMO – O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de peso corporal e características de carcaça de 3422 aves nascidas de 17 incubações e resultantes de cruzamento recíproco de uma linhagem de corte e outra de postura, mantidas pela Embrapa Suínos e Aves. As características estudadas foram: peso vivo (PV42), rendimento (RC), matéria seca (MS) e umidade da carcaça (UC) aos 42 dias e proteína bruta, extrato etéreo e cinzas, medidas na carcaça, em porcentagem da matéria natural (PBMN, EEMN e CZMN), da matéria seca (PBMS, EEMS e CZMS) e em gramas (PBG, EEG e CZG). Os componentes de variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita, utilizando-se modelo animal uni e bi-característica, considerando o efeito aleatório genético aditivo e o efeito fixo de grupo (animais de mesmo sexo, incubação e acasalamento). As estimativas de herdabilidade (h^2) para PV42, RC, MS e UC foram, respectivamente, iguais a $0,31 \pm 0,069$, $0,20 \pm 0,05$, $0,33 \pm 0,074$ e $0,33 \pm 0,074$. Melhores estimativas de h^2 para as características de qualidade de carcaça foram obtidas quando estas foram expressas em porcentagem da matéria seca ($0,48 \pm 0,093$, $0,55 \pm 0,099$ e $0,36 \pm 0,077$, respectivamente para PBMS, EEMS e CZMS). O aumento no PV42 resulta em maior porcentagem de extrato etéreo e menor de proteína bruta e cinzas na carcaça, enquanto que a seleção para rendimento de carcaça pouco irá influenciar os constituintes desta. Correlações genéticas entre características medidas na carcaça em porcentagem da matéria seca indicaram que a seleção para proteína bruta poderia favorecer maiores proporções de cinzas e menores de gordura.

Palavras-Chave: composição da carcaça, correlação genética, frango de corte

GENETIC AND PHENOTYPIC PARAMETERS OF BODY WEIGHT AT SLAUGHTER AND CARCASS TRAITS MEASURED IN BROILER X LAYER RECIPROCAL CROSSES

SUMMARY – The objective of this work was to estimate genetic and phenotypic parameters of body weight and carcass traits from 3422 chickens born of 17 hatches and originated of reciprocal crosses between a broiler and egg type strain, maintained by “Embrapa Suínos e Aves”, in Concordia, SC. The traits studied were body weight (BW), carcass yield (CY), carcass dry matter (DM) and moisture (MC) of carcass at 42 days of age and protein, fat and ash, measured in carcass, in wet carcass percentage (PW, FW, and AW), in carcass dry matter percentage (PD, FD and AD) and in grams (PG, FG and AG). The variance components were estimated using a REML method, considering a single and bi-trait model that included random additive genetic effect and the fixed effect of group (animals from the same gender, hatch and cross mating procedure). The heritabilities estimates (h^2) for BW, CY, DM, MC were, respectively, 0.31 ± 0.069 , 0.20 ± 0.05 , 0.33 ± 0.074 and 0.33 ± 0.074 . Best h^2 estimates of carcass composition traits were calculated when they were expressed in carcass dry matter percentage (0.48 ± 0.093 , 0.55 ± 0.099 e 0.36 ± 0.077 , respectively for PD, FD and AD). The increase of BW would result in amount in fat percentage and reduction in percentage of protein and ash carcass. The selection for carcass yield would have little influence on the carcass composition. Genetic correlations between traits measured in dry matter percentage carcass indicated that the selection for protein could favor increased ash and reduced fat percentage.

Key-words: carcass composition, genetic correlation, broiler

INTRODUÇÃO

A avicultura de corte assegura ao Brasil posição de destaque no cenário mundial. A partir de 2004, o país passou a ser o maior exportador mundial de carne de frango, à frente dos Estados Unidos da América, bem como o terceiro maior produtor, à frente de 25 países da União Européia (ABEF, 2007). Esse desempenho é resultado de uma trajetória de incremento tecnológico e capacidade de coordenação entre os diferentes segmentos de produção que compõem o setor avícola.

A evolução no desempenho das linhagens de frango de corte tem sido acentuada nas últimas décadas, sendo ao redor de 85% a 90% dos ganhos em produtividade de origem genética (CHAMBERS, 1995).

O melhoramento genético, por si só, tem determinado ganhos anuais da ordem de 2,5; 0,25 e 0,15%, respectivamente, em peso corporal, rendimento de carcaça e de peito, além de reduções de 0,02 unidades, 0,1% e 0,4 dia, respectivamente, na conversão alimentar, gordura abdominal e idade de abate (ANDRADE, 1990).

Além da seleção genética para algumas características de desempenho zootécnico, grande atenção tem sido dada à qualidade do produto final (carne). As exigências por atributos de rendimento e qualidade de carcaça da carne de frango provocaram mudanças que tiveram início na pesquisa genética e envolveram toda a cadeia produtiva (CASTILLO & CUSTÓDIO, 2002).

Frangos de corte são pagos pela quantidade de peso vivo à idade de abate, mas não pela combinação de peso e qualidade da carcaça, como eventualmente já ocorre com o pagamento de bovinos, suínos e ovinos. Portanto, não existe nenhum método

prático de avaliação da qualidade da carcaça de frangos de corte em escala comercial (SILVA et al, 2003). Segundo estes autores, 80 a 90% do preço pago pelo frango são referentes a peito e pernas, que constituem aproximadamente 53% do peso da carcaça limpa.

A medição do peso é um método prático de avaliação da carcaça que pode ser realizado na linha de processamento com os mesmos equipamentos de rotina do abate. Os modelos de predição para os constituintes da carcaça, baseados no peso, poderão servir como referência para classificar a carcaça.

As aves destinadas à produção de carne foram selecionadas principalmente para características de desempenho corporal, como o peso vivo ao abate. Contudo, a seleção intensa para esta levou a conseqüências indesejáveis, tais como o aumento de deposição de gordura na carcaça das aves (GRIFFIN,1996, citado por ZEREHDARAN et al., 2004).

Segundo KESSLER et al. (2000), a maior parte da gordura dos frangos é depositada em partes da ave que podem ser retiradas durante o processamento ou na produção de cortes. No entanto, esses autores afirmaram que os depósitos de gordura que são retirados têm um alto custo de produção. Por este motivo, a gordura tem sido vista como um dos principais problemas na indústria de carne de frango, já que o mercado consumidor exige menores teores de gordura na carne. Outro problema é o excesso de gordura que é descartado nos abatedouros. Além do custo para produzir esta gordura em vez de carne, existe o problema ambiental gerado pelo descarte deste resíduo no ambiente.

Em um programa de melhoramento genético, são fundamentais as estimativas dos parâmetros genéticos para a definição dos critérios de seleção a serem utilizados. A quantificação da variação genética aditiva das características, pela herdabilidade, e das associações genéticas entre as diferentes características, indicadas pelas correlações genéticas, permitem estabelecer estratégias de melhoramento animal e o

monitoramento da variabilidade genética dos indivíduos das linhagens (CAMPOS & PEREIRA, 1999).

Os avanços favoráveis obtidos no desempenho dos frangos coincidem com o aumento da taxa de formação de tecido adiposo dos mesmos, possivelmente devido às fortes correlações entre peso vivo e ingestão de alimentos (LEENSTRA et al., 1986; WANG & McMILLAN, 1991). Segundo os autores, a seleção para peso vivo ao abate favorece os indivíduos que tem maior apetite. Estas aves superam a demanda de manutenção e formação de músculo (carne) e este excesso de energia ingerida é depositado na forma de gordura na carcaça (LEENSTRA et al., 1986).

De acordo com MICHELAN FILHO (1986), a gordura abdominal é uma das principais formas de deposição de gordura no frango, e esta está diretamente correlacionada com a quantidade total de gordura na carcaça.

Os parâmetros genéticos (herdabilidade e correlações genéticas) das características utilizadas em programas de seleção têm como objetivo orientar a seleção, avaliar a sua eficiência nas sucessivas gerações de acasalamento nas linhagens e se esta seleção está sendo adequada às exigências atuais do mercado e da indústria.

As estimativas de parâmetros genéticos de características de qualidade de carne e constituintes da carcaça em frangos de corte são raramente descritas na literatura, o que torna ainda mais importante a estimação e o monitoramento destes parâmetros em um programa de seleção.

OBJETIVOS

Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e fenotípicos para as características de peso vivo aos 42 dias de idade, composição (matéria seca, umidade, proteína, extrato etéreo e cinzas) e rendimento da carcaça em uma população gerada por cruzamento recíproco entre uma linhagem de corte e outra de postura, em um programa de melhoramento genético de aves.

REVISÃO DE LITERATURA

Características Estudadas

O peso corporal é de importância primária para o melhoramento de frangos de corte, principalmente porque na idade adulta é positivamente correlacionado com a taxa de crescimento. Além disto, aves mais pesadas utilizam o alimento de forma mais eficiente (NORDSKOG, 1981).

Tradicionalmente, frangos de corte vêm sendo selecionados principalmente para peso vivo em uma idade fixa, associada ao abate (SIEGEL & DUNNINGTON, 1987; HARTMANN, 1988).

Essa seleção levou a um aumento na formação de tecido adiposo nas aves, possivelmente devido às fortes correlações entre peso vivo e ingestão de alimentos (LEENSTRA et al., 1986; WANG & McMILLAN, 1991). Segundo LEENSTRA et al. (1986), como o critério de seleção aplicado favoreceu as aves de maior apetite, estas foram capazes de comer além de suas necessidades metabólicas e, desta forma, sua

capacidade de formar proteína foi excedida, de modo que tal excesso foi acumulado na forma de gordura (LIN, 1981; LEENSTRA et al., 1986; HAVENSTEIN et al., 1988).

O rendimento da carcaça é a relação percentual entre as partes comestíveis e não comestíveis mais as perdas (MENDES, 2001), enquanto que a qualidade de carcaça refere-se à parte visual de apresentação da mesma, associada à composição química e as características organolépticas (LEMOS, 2004).

YANG & JIANG (2005) destacaram a importância que os programas de melhoramento genético têm dado às características de qualidade de carcaça, como a deposição de gordura e a composição das fibras musculares.

Parâmetros Genéticos

A herdabilidade expressa a proporção da variância fenotípica total que é atribuída aos efeitos médios dos genes, ou seja, à variância genética aditiva (FALCONER & MACKAY, 1996). Esta estimativa mede o grau de correspondência entre o fenótipo e o valor genético. O valor genético de um indivíduo pode ser definido como sendo igual a duas vezes o desvio da média de seus filhos, considerando uma grande progênie, em relação à média da população (VAN VLECK, 2000). A principal função da herdabilidade está na predição do valor genético a partir do valor fenotípico.

A correlação genética entre duas características é a medida da associação linear entre os efeitos dos genes que as influenciam (PIRCHNER, 1983). Segundo VAN VLECK et al. (1987), se algum gene afeta duas características, então estas são correlacionadas geneticamente. A correlação genética mede a associação linear entre os valores genéticos de duas características (FALCONER & MACKAY, 1996).

A correlação fenotípica é o coeficiente de associação linear entre os valores fenotípicos de duas características. A correlação ambiental indica o grau e a magnitude da associação dos desvios ambientais e também genéticos não aditivos entre duas características.

As estimativas de herdabilidade para peso vivo em diferentes idades variaram de $0,20 \pm 0,08$ a $0,94 \pm 0,13$, de acordo com LEDUR et al (1992). BECKER et al. (1984) encontraram valores de herdabilidade diferentes para peso corporal medidos nos machos e nas fêmeas, de 0,61 e 0,88, respectivamente. Segundo CAMPOS & PEREIRA (1999), a adequada resposta à seleção para peso vivo, em função dos valores de herdabilidade, é um dos principais fatores responsáveis pela grande evolução no melhoramento de frangos de corte.

Para as características de rendimento e qualidade de carcaça, a maioria das estimativas de herdabilidade encontradas na literatura também indicou que há proporção significativa da variância fenotípica atribuída aos efeitos aditivos dos genes.

FRIARS (1984) encontrou valores de estimativas de herdabilidade para umidade da carcaça, expresso em porcentagem, de $0,38 \pm 0,11$. ZEREHDARAN et al. (2004) obtiveram estimativas de herdabilidade de $0,41 \pm 0,07$ para rendimento de carcaça.

As estimativas de herdabilidade para gordura abdominal, medida em porcentagem, foram $0,62 \pm 0,03$ (LE BIHAN-DUVAL, 2001) e $0,71 \pm 0,09$ (ZEREHDARAN et al, 2004). Para gordura abdominal, medida em gramas, essas estimativas variaram entre $0,40 \pm 0,15$ (LEENSTRA & PIT, 1988) e $0,82 \pm 0,28$ (CAHANER & NITSAN, 1985). Valor intermediário a estes ($0,62 \pm 0,09$) foi encontrado por ZEREHDARAN et al. (2004), para a mesma característica.

Para proteína bruta, medida em porcentagem, em relação à carcaça, a estimativa de herdabilidade encontrada na literatura foi de $0,47 \pm 0,12$ (FRIARS, 1984). Segundo o mesmo autor, a estimativa de herdabilidade para cinzas, medida em porcentagem, foi de $0,21 \pm 0,10$.

Geralmente, os procedimentos de seleção são baseados na variabilidade genética das linhagens puras. Cruzamentos são freqüentemente utilizados para melhorar o desempenho produtivo e reprodutivo, pela complementariedade e heterose entre as linhagens envolvidas. O sucesso desta prática depende da divergência

genética entre estas (BARBOSA et al., 2005). A heterose é mais pronunciada quanto mais divergentes forem as raças ou linhagens envolvidas no acasalamento. O objetivo da utilização de cruzamentos direcionados em aves é a obtenção de indivíduos superiores, com ganho genético acentuado em função da expressão de vigor híbrido (SILVA et al., 2005).

Segundo LEDUR et al. (2003), o melhoramento tradicional baseado na teoria de genética quantitativa tem assegurado ganho genético contínuo para muitas características medidas nas populações de aves, sendo que a maior parte do progresso genético obtido tem sido decorrente da seleção baseada no fenótipo da ave.

Associações Genéticas

Diferenças na composição de carcaça podem ser atribuídas ao manejo alimentar, conversão alimentar, idade, sexo e linhagem (WASHBURN et al., 1975). Uma maior concentração de proteína bruta na dieta das aves aumenta a proporção de carne magra. Porém, o aumento da concentração de energia na alimentação, aumenta a proporção de gordura na carcaça (PESTI & BAKALLI, 1997).

Para avaliar as possíveis mudanças genéticas na composição da carcaça deve-se conhecer sua associação com o peso vivo ao abate, considerando que o mesmo é o principal critério de seleção nas linhagens de frangos de corte.

Como o peso vivo está positivamente correlacionado com a gordura abdominal em frangos de corte (BECKER et al., 1983), a seleção para redução da gordura se torna difícil, já que a seleção é feita para o aumento de peso vivo nesses animais.

Muitos trabalhos demonstraram que o peso da gordura abdominal apresenta correlação com o peso corporal. RICARD & ROUVIER (1967), citados por CAHANER & NITSAN (1985), encontraram correlação genética e fenotípica entre gordura abdominal e peso corporal de 0,48 e 0,36, respectivamente.

Verificou-se, na literatura, que a maioria dos autores estudou a porcentagem de gordura abdominal na carcaça. Considerando que existe uma alta correlação linear (0,75) entre gordura abdominal e gordura na carcaça (BECKER et al, 1981), a expressão da gordura abdominal pode ser representativa da gordura total da carcaça (CHAMBERS, 1990). CHAMBERS & FORTIN (1984), encontraram associação fenotípica entre gordura abdominal (em porcentagem) e extrato etéreo medido em gramas, na matéria seca e na matéria natural de 0,71, 0,75 e 0,77, respectivamente. Portanto, é possível a comparação das correlações que envolvam extrato etéreo na carcaça com outras características com os resultados da literatura que associam a gordura abdominal com as mesmas características.

MATERIAL E MÉTODOS

População experimental

O presente trabalho foi conduzido com dados de 3422 aves, colhidos no período de novembro de 1999 a julho de 2000, no Setor de Melhoramento Genético de Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Suínos e Aves), localizada no Município de Concórdia, Santa Catarina (27°13' latitude sul, 52°01' longitude oeste e 564,7m de altitude).

A população referência (F2), foi formada para o estudo de mapeamento de loci de características quantitativas (QTL). Para que um programa de análise de QTL tenha sucesso é preciso que os marcadores moleculares estejam em desequilíbrio de ligação com os alelos segregantes nos locos que influenciam as características fenotípicas.

A população utilizada foi formada a partir de duas linhagens de aves divergentes, uma de corte (TT) e outra de postura (CC). A primeira teve origem a partir de cruzamentos das raças Cornish, Hampshire, e White Plymouth Rock, enquanto que a segunda teve origem na raça White Leghorn.

A linhagem TT é uma linha macho. Sua seleção foi efetuada dentro de linha desde 1985 por seis gerações, com o objetivo de melhorar o peso corporal, conversão alimentar, rendimento de carcaça e partes, viabilidade, fertilidade e eclodibilidade, além de reduzir gordura abdominal e doenças metabólicas.

A linhagem CC foi selecionada por oito gerações desde 1989, com objetivo de melhorar a produção de ovos, peso do ovo, conversão alimentar, viabilidade, maturidade sexual, fertilidade, eclodibilidade, qualidade do ovo e reduzir o peso corporal.

Foram realizados cruzamentos recíprocos das duas linhagens na proporção de um macho para cada fêmea. Foram utilizados sete machos e sete fêmeas de cada linhagem em cada cruzamento recíproco. As aves foram mantidas em gaiolas individuais com controle de pedigree e os ovos foram identificados para possibilitar o anelamento ao nascer dos pintos da primeira geração (F1). Estas aves foram criadas como matrizes de frangos de corte e alojadas em gaiolas individuais.

A geração F1 consta de quatorze famílias: sete do cruzamento de macho CC com fêmea TT (CT) e sete do cruzamento de macho TT com fêmea CC (TC).

A geração F2 foi formada selecionando-se um macho e três fêmeas ao acaso de diferentes famílias da população F1. Cada macho F1 fecundou (artificialmente) três fêmeas F1, evitando-se parentes próximos. Um total de 7 machos e 21 fêmeas F1 de cada cruzamento (TC e CT) geraram cerca de 100 pintos F2 por família de F1 em 17 incubações, com intervalos de 15 dias durante 9 meses, totalizando cerca de 4000 aves F2 (metade de cada sexo e cada cruzamento CT e TC). Essa população F2 foi anelada, com controle de pedigree individual.

As aves F2 foram criadas como frangos de corte e tiveram água e ração (à base de milho e farelo de soja) à vontade. Os animais receberam, de 1 a 21 dias de idade, ração com 21% de proteína bruta (PB), e 3.150 Kcal de energia metabolizável (EM), chamada de ração inicial; de 22 a 35 dias de idade receberam ração de crescimento,

com 20% de PB e 3.200Kcal de EM. A ração final, com 18,5% de PB e 3.200 Kcal de EM foi dada aos animais de 36 a 41 dias de idade.

Até 35 dias de idade as aves foram mantidas em boxes coletivos e, de 36 a 41 dias de idade, foram alojadas em gaiolas individuais.

O presente trabalho foi realizado utilizando apenas os dados colhidos na população F2.

Características estudadas

As características avaliadas no presente estudo foram:

(a) Peso corporal individual, em kg, medido aos 42 dias de idade (PV42).

(b) Rendimento de carcaça, medido em porcentagem da matéria natural da carcaça eviscerada (RC), após o abate aos 42 dias de idade. A matéria natural é a soma da matéria seca mais a umidade da carcaça eviscerada.

Para cálculo do rendimento de carcaça, foi feita a razão entre o peso da carcaça eviscerada (peso da carcaça sem vísceras, pés e cabeça) e o peso vivo aos 42 dias.

(c) Quantidade da matéria seca (MS), medida em porcentagem da carcaça eviscerada, após o abate aos 42 dias de idade.

(d) Umidade, medida em porcentagem da carcaça eviscerada (UC), após o abate aos 42 dias de idade.

(e) Deposição de proteína bruta na carcaça, medida pela quantidade de proteína bruta em porcentagem da matéria natural (PBMN), em porcentagem da matéria seca (PBMS) e em gramas (PBG) da carcaça eviscerada, após o abate aos 42 dias de idade.

(f) Deposição de gordura na carcaça, medida pela quantidade de extrato etéreo em porcentagem da matéria natural (EEMN), em porcentagem da matéria seca (EEMS) e em gramas (EEG) da carcaça eviscerada, após o abate aos 42 dias de idade.

(g) Deposição de cinzas na carcaça, medida pela quantidade de cinzas em porcentagem da matéria natural (CZMN), em porcentagem da matéria seca (CZMS) e em gramas (CZG) da carcaça eviscerada, após o abate aos 42 dias de idade.

Os constituintes da carcaça foram mensurados de acordo com ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS (1984).

Análises estatísticas

Análises pelo método dos quadrados mínimos, utilizando o procedimento GLM do programa computacional SAS (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA), auxiliaram na definição dos efeitos ambientais considerados nos modelos para as análises genéticas. Os animais foram divididos em grupos de acordo com o sexo, cruzamento (TC ou CT) e incubação (1 a 17). Foram verificados efeitos significativos ($P < 0,05$) de grupo sobre todas as características estudadas. Também foram estudados os efeitos de ano (1999 e 2000), mês (de Novembro de 1999 a Julho de 2000) e estação de incubação (Novembro a Janeiro, Fevereiro a Abril e Maio a Julho). No entanto, estes efeitos não afetaram significativamente as características e, portanto, não foram considerados.

Foram mantidos nas análises apenas indivíduos que pertenciam a grupos com, no mínimo, 14 animais, filhos de pais e mães com pelo menos 62 e 20 filhos, respectivamente e que tinham observações para todas as características estudadas. Foram analisados dados de 3422 animais, cujos pais e mães tinham, respectivamente, médias de $244,4 \pm 58,4$ e $81,5 \pm 21,7$ filhos. Foram considerados 54 grupos, com média de $63,4 \pm 27$ indivíduos/grupo.

As análises para estimação dos parâmetros genéticos foram realizadas pelo método de máxima verossimilhança restrita, em modelo animal uni e bi-característica, utilizando o programa computacional MTDFREML (Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood), descrito por BOLDMAN et al. (1995).

Os valores iniciais de variâncias genética aditiva e residual, requisitados pelo programa para as análises uni-característica foram oriundos das análises de variância e da literatura (WANG & McMILLAN, 1991; LE BIHAN-DUVAL, 2001; ZEREHDARAN et al, 2004).

Para as análises bi-característica e estimativas das correlações genéticas entre as variáveis foram utilizados os resultados obtidos nas análises uni-característica e as correlações simples de Pearson entre os valores genéticos.

Depois de atingida a convergência, estipulada em 10^{-9} , as análises foram reiniciadas até que fosse confirmado que o resultado encontrado fosse o máximo global e não local. O modelo proposto, que incluiu os efeitos aleatórios genético aditivo e residual e o efeito fixo de grupo (sexo-incubação-tipo de acasalamento), representado na notação matricial para as análises bi-características, foi o seguinte:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g_1 \\ g_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Em que: y_1 é o vetor de registros da variável 1, y_2 o vetor de registros da variável 2, b_1 e b_2 os vetores de soluções para os efeitos fixos para as variáveis 1 e 2, respectivamente, g_1 e g_2 os vetores de soluções para o efeito aleatório genético aditivo direto para as variáveis 1 e 2, respectivamente, $X_1(X_2)$ a matriz de incidência associando os elementos de $b_1(b_2)$ a $y_1(y_2)$ e $Z_1(Z_2)$ é a matriz de incidência associando os elementos de $g_1(g_2)$ a $y_1(y_2)$.

Foram assumidas as seguintes pressuposições: $E(y_i) = X_i b_i$ para $i=1, 2$ e

$$\text{Var} \begin{bmatrix} g_1 \\ g_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a1a2} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a1a2} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & \\ 0 & 0 & & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

Em que: A é a matriz de parentesco, $\sigma_{a1}^2, \sigma_{a2}^2$ as variâncias genéticas aditivas para as características 1 e 2, respectivamente, σ_{a1a2} a covariância genética aditiva entre as características 1 e 2, e $\sigma_{e1}^2, \sigma_{e2}^2$ são as variâncias residuais para as características 1 e 2, respectivamente. A matriz de parentesco foi constituída por 4237 animais, incluindo a população base. Verificou-se que não havia indivíduos endogâmicos na população. Análises preliminares considerando o componente genético aditivo materno, assim como o componente de ambiente permanente materno foram realizadas para PV42. Estimativas nulas para estes componentes definiram a sua exclusão do modelo final de análise para esta e as demais características.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias gerais observadas e respectivos desvios-padrão e coeficientes de variação assim como os valores mínimos e máximos para as características estudadas estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Médias gerais observadas e respectivos desvios-padrão, coeficientes de variação (CV) e valores mínimos e máximos para peso vivo (PV42) e rendimento de carcaça aos 42 dias (RC), matéria seca (MS) e umidade da carcaça (UC) e proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidas respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), e da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG).

Característica	Média ± Desvio-padrão	CV (%)	Valor	
			Mínimo	Máximo
PV42 (kg)	1,01 ± 0,18	17,84	0,40	1,69
RC (%)	64,92 ± 2,23	3,44	49,02	81,58
MS (%)	37,24 ± 2,60	6,99	28,25	49,90
UC (%)	62,75 ± 2,60	4,14	50,10	71,75
PBMN (%)	18,80 ± 0,87	4,66	16,32	24,26
EEMN (%)	14,98 ± 2,63	17,61	7,54	27,21
CZMN (%)	2,72 ± 0,33	12,08	1,59	4,56
PBMS (%)	50,67 ± 3,12	6,16	40,28	64,18
EEMS (%)	40,00 ± 4,85	12,13	24,53	56,88
CZMS (%)	7,35 ± 1,02	13,98	3,94	11,16
PBG (g)	190,27 ± 35,38	18,59	77,41	319,83
EEG (g)	152,37 ± 40,68	26,70	41,76	306,66
CZG (g)	27,48 ± 5,63	20,49	10,56	54,02

Número de observações (N)=3422

Na comparação da média geral observada para PV42 ($1,011 \pm 0,180$ kg) com os resultados da literatura, deve-se considerar que os animais do presente trabalho são oriundos de um cruzamento que envolveu uma linhagem de corte e outra de postura. Assim, eram esperados menores pesos corporais aos 42 dias de idade, quando comparados com resultados de linhagens de frangos de corte. SCHMIDT et al. (2003), encontraram médias que variaram de 1,724 kg, para uma linhagem controle de frangos de corte, a 2,270 kg, para uma linhagem de corte selecionada para crescimento rápido. ZEREHDARAN et al. (2004), observaram valor intermediário de média para peso vivo aos 49 dias de idade de $1,959 \pm 0,271$ kg, em aves resultantes do acasalamento de uma linha fêmea com alto desempenho reprodutivo e uma linha macho de alto crescimento. A ração utilizada por estes autores tinha 21% de PB e 2,980 kcal de EM, semelhante às utilizadas no presente trabalho.

A média observada para rendimento de carcaça ($64,92 \pm 2,23\%$) foi similar às descritas por SCHMIDT et al (2003), de 69,87% e por ZEREHDARAN et al. (2004) de 66,09%, indicando que o uso de uma linha de postura não afetou o rendimento de carcaça expresso em porcentagem.

Para umidade da carcaça, medida em porcentagem, a média observada ($62,75 \pm 2,60\%$) foi próxima àquelas obtidas por WASHBURN et al. (1975) e PESTI & BAKALLI (1997), respectivamente iguais a 67,10 e 63,90%.

A média observada para matéria seca ($37,24 \pm 2,6\%$), foi superior à encontrada por BERRI et al (2001), de $25,19 \pm 0,93$. Estes autores utilizaram uma população selecionada para aumento de peso corporal e peito.

Na comparação das médias verificadas para PBMN ($18,8 \pm 0,87\%$), para EEMN ($14,98 \pm 2,63\%$) e para CZMN ($2,72 \pm 0,33\%$) com a literatura, verificou-se que WASHBURN et al. (1975), utilizando aves resultantes do cruzamento entre as raças Cornish e White Plymouth Rock, encontraram valores semelhantes para proteína de $18,1 \pm 0,5\%$, extrato etéreo de $11,7 \pm 0,2\%$, e para cinzas de $3,3 \pm 0,1\%$, medidas em

porcentagem da matéria natural. PESTI & BAKALLI (1997), estudando as mesmas características encontraram valores de $11,71 \pm 5,79\%$ e $2,49 \pm 0,62\%$ para extrato etéreo e cinzas na carcaça, respectivamente.

As médias para PBMS ($50,67 \pm 3,12\%$), EEMS ($40,00 \pm 4,85\%$) e CZMS ($7,35 \pm 1,02\%$) foram muito próximas às encontradas por CHAMBERS et al (1984), que foram de $50,40 \pm 0,70\%$ para PBMS, $41,40 \pm 0,70\%$ para EEMS e $7,44 \pm 0,16\%$ para CZMS. PERREAULT & LEESON (1992) obtiveram valores para extrato etéreo medido na matéria seca aos 43 dias de idade de $47,7 \pm 0,7\%$.

Para PBG, EEG e CZG, as médias observadas foram $190,27 \pm 35,38g$, $152,37 \pm 40,68g$ e $27,48 \pm 5,63g$, respectivamente. Não foram encontradas na literatura consultada médias de proteína bruta, extrato etéreo e cinzas medidas em gramas da matéria natural da carcaça eviscerada.

Em vários estudos foram apresentadas estimativas de correlação genética entre o peso vivo e peso eviscerado. Tais estimativas variaram entre 0,85 (WANG & McMILLAN, 1991) a 0,97 (WANG & McMILLAN, 1991; ARGENTÃO et al, 2002; GAYA et al, 2003), o que torna possível a comparação entre peso dos constituintes da carcaça medidos em gramas da carcaça eviscerada e peso destes constituintes medidos em gramas em relação ao peso vivo.

As estimativas de herdabilidade, obtidas por análise uni-característica e a variação destas estimativas, verificada por análise bi-característica, para cada variável estudada, estão relacionadas na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade (h^2) e respectivos erros-padrão, obtidos por análise uni-característica e variação das estimativas verificadas nas análises bi-característica para peso vivo (PV42) e rendimento de carcaça aos 42 dias (RC), matéria seca (MS) e umidade da carcaça (UC) e proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidos respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), e da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG).

Característica	h^2		
	Uni-Characterística	Variação (Bi-característica)	
		Valor Mínimo	Valor Máximo
PV42 (kg)	0,31 ± 0,07	0,31 ± 0,07	0,32 ± 0,07
RC (%)	0,20 ± 0,05	0,20 ± 0,05	
MS (%)	0,33 ± 0,07	0,03 ± 0,03	0,34 ± 0,07
UC (%)	0,33 ± 0,07	0,03 ± 0,03	0,34 ± 0,07
PBMN (%)	0,02 ± 0,01	0,02 ± 0,01	
EEMN (%)	0,53 ± 0,10	0,52 ± 0,10	0,53 ± 0,09
CZMN (%)	0,15 ± 0,04	0,15 ± 0,04	0,17 ± 0,05
PBMS (%)	0,48 ± 0,09	0,46 ± 0,09	0,49 ± 0,09
EEMS (%)	0,55 ± 0,10	0,55 ± 0,10	
CZMS (%)	0,36 ± 0,08	0,36 ± 0,08	0,38 ± 0,08
PBG (g)	0,28 ± 0,07	0,27 ± 0,01	0,29 ± 0,07
EEG (g)	0,44 ± 0,09	0,43 ± 0,09	0,44 ± 0,09
CZG (g)	0,20 ± 0,05	0,20 ± 0,05	

N=3422

As estimativas de herdabilidade nas análises bi-características evidenciaram pequena ou nenhuma variação, com exceção das análises realizadas entre MS e UC, a qual, ambas apresentou estimativas de herdabilidade de $0,03 \pm 0,034$. As análises destas mesmas características com as demais apresentaram valor de estimativa de

herdabilidade de $0,34 \pm 0,073$. A expressão fenotípica destas duas características é complementar, ou seja, para medir a proporção de matéria seca é preciso subtrair de 100% a proporção de umidade da carcaça, daí a igualdade das estimativas de h^2 .

As estimativas de herdabilidade de PV42 ($0,31 \pm 0,069$), MS ($0,33 \pm 0,074$), UC ($0,33 \pm 0,074$), EEMN ($0,53 \pm 0,097$), PBMS ($0,48 \pm 0,093$), EEMS ($0,55 \pm 0,099$), CZMS ($0,36 \pm 0,077$), PBG ($0,28 \pm 0,065$), e EEG ($0,44 \pm 0,087$), obtidas por análises uni-características, indicaram que há proporção suficiente de variância fenotípica atribuída aos efeitos aditivos dos genes e, conseqüentemente, que a seleção individual para estas características seria eficiente, em termos de ganho genético.

As altas estimativas de herdabilidade encontradas no presente trabalho podem ter sido atribuídas à população F2, que apresenta alta variabilidade genética aditiva e que foi mantida em ambiente controlado, conseqüentemente com pequena variância do mesmo.

Considerando as estimativas de herdabilidade da análise uni-característica para RC ($0,20 \pm 0,050$), CZMN ($0,15 \pm 0,041$) e CZG ($0,20 \pm 0,051$), a seleção massal seria pouco eficiente e, para PBMN ($0,02 \pm 0,011$), a seleção por família seria a mais indicada, levando em conta que grande parte da variância fenotípica desta característica seria atribuída aos efeitos não-aditivos dos genes e ao ambiente.

A estimativa de herdabilidade encontrada para peso vivo aos 42 dias de idade ($0,31 \pm 0,069$) foi próxima ao valor de $0,33 \pm 0,07$, para peso vivo aos 49 dias de idade, estimado por ZEREHDARAN et al (2004). Segundo CAMPOS & PEREIRA (1999), a herdabilidade de moderada a alta do peso corporal é um dos principais fatores responsáveis pela grande evolução alcançada no melhoramento dos frangos de corte.

A estimativa de herdabilidade para rendimento de carcaça ($0,20 \pm 0,05$) indicou que aproximadamente 80% da variância fenotípica desta característica foi atribuída aos efeitos não aditivos dos genes e ao ambiente. ZEREHDARAN et al. (2004),

encontraram valor de estimativa de herdabilidade para a mesma característica de $0,41 \pm 0,07$.

Na literatura consultada, não foram encontrados resultados que pudessem ser comparados com as estimativas de herdabilidade obtidas no presente trabalho para PBMN ($0,02 \pm 0,011$) e CZMN ($0,15 \pm 0,041$), referentes à expressão dos constituintes da carcaça em porcentagem da matéria natural.

Resultado semelhante à estimativa de herdabilidade encontrada neste trabalho para EEMN ($0,53 \pm 0,097$) foi verificado por WANG et al. (1991). Estes autores obtiveram valores de herdabilidade para gordura abdominal em porcentagem, estimados pelo componente de variância de reprodutor e ajustados para peso da carcaça ao abate (47 dias de idade) de 0,53 e 0,49, respectivamente.

Para proteína bruta (PBMS), extrato etéreo (EEMS), e cinzas (CZMS), medidos em porcentagem da matéria seca da carcaça eviscerada, foram encontrados valores de herdabilidade de $0,48 \pm 0,093$, $0,55 \pm 0,099$ e $0,36 \pm 0,077$, respectivamente. Não foram verificados na literatura consultada valores de herdabilidade para estas características. Os valores de herdabilidade para gordura abdominal medida em porcentagem da matéria seca em relação ao peso vivo aos 42 dias de idade foram de $0,62 \pm 0,03$ (LE BIHAN – DUVAL, et al, 2001), e, aos 47 dias de idade, a estimativa de herdabilidade para a mesma característica foi de $0,71 \pm 0,09$ (ZEREHDARAN et al, 2004).

A expressão de características de constituição da carcaça (proteína bruta, extrato etéreo e cinzas) em porcentagem da matéria seca seria a mais adequada para a seleção baseada nas estimativas de herdabilidade, considerando que as maiores estimativas foram obtidas em porcentagem da matéria seca, comparada às demais (porcentagem da matéria natural e em gramas).

Os constituintes de carcaça quando medidos na matéria seca são também mais precisos, ou seja, não sofrem influência da amostra, por exemplo, como ocorre com os medidos na matéria natural, que pode ser influenciada pela quantidade de água.

Quando estas características são medidas em gramas, estas sofrem influência do peso da carcaça, pois são mensuradas em relação a ele.

Para proteína bruta (PBG), extrato etéreo (EEG) e cinzas (CZG) medidos em gramas da carcaça eviscerada, foram encontrados valores de herdabilidade de $0,28 \pm 0,065$, $0,44 \pm 0,087$ e $0,20 \pm 0,051$, respectivamente. Na literatura, foi encontrada, estimativas de herdabilidade para peso da gordura abdominal de $0,40 \pm 0,15$ (LEENSTRA & PIT, 1988), $0,52 \pm 0,04$ (LE BIHAN – DUVAL, et al, 1999) e $0,82 \pm 0,28$ (CAHANER & NITSAN, 1985). MELO et al (2004), utilizando a população F2, estudada no presente trabalho, encontraram estimativa de herdabilidade de 0,65 para peso da gordura abdominal.

Assim, com base nas estimativas de herdabilidade encontradas, a seleção para diminuir a gordura corporal dos frangos, considerando a gordura total (medida em porcentagem da matéria seca, matéria natural e em gramas) deverá ser eficiente em termos de ganho genético. Em adição, os erros-padrão de pequena magnitude, encontrados para as estimativas de herdabilidade, asseguram a confiabilidade das mesmas.

Na Tabela 3 estão relacionadas as estimativas de correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre PV42 e RC e as demais características estudadas.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas (r_a), ambientais (r_e) e fenotípicas (r_p) e respectivos erros-padrão, entre parênteses, entre peso vivo aos 42 dias de idade (PV42) ou rendimento de carcaça (RC) e matéria seca (MS), umidade da carcaça (UC), proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidas respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), e da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG).

Variável	PV42			RC		
	r_a	r_e	r_p	r_a	r_e	r_p
RC (%)	0,22 (0,18)	0,38 (0,03)	0,33 (0,02)			
MS (%)	0,47 (0,15)	0,29 (0,04)	0,37 (0,02)	0,09 (0,19)	0,12 (0,04)	0,11 (0,02)
UC (%)	-0,47 (0,15)	-0,29 (0,04)	-0,33 (0,02)	-0,09 (0,19)	-0,12 (0,04)	-0,11 (0,017)
PBMN (%)	-0,34 (0,28)	0,05 (0,02)	0,01 (0,02)	0,55 (0,25)	-0,04 (0,02)	-0,002 (0,02)
EEMN (%)	0,45 (0,14)	0,36 (0,06)	0,38 (0,02)	0,04 (0,19)	0,18 (0,05)	0,12 (0,02)
CZMN (%)	-0,42 (0,17)	-0,12 (0,03)	-0,18 (0,02)	-0,09 (0,20)	-0,13 (0,03)	-0,12 (0,02)
PBMS (%)	-0,45 (0,15)	-0,33 (0,05)	-0,37 (0,02)	-0,03 (0,19)	-0,19 (0,05)	-0,13 (0,02)
EEMS (%)	0,46 (0,14)	0,35 (0,06)	0,38 (0,07)	0,03 (0,19)	0,19 (0,06)	0,12 (0,02)
CZMS (%)	-0,46 (0,15)	-0,27 (0,05)	-0,33 (0,02)	-0,10 (0,19)	-0,20 (0,04)	-0,16 (0,02)
PBG (g)	1,00 (0,00)	0,95 (0,00)	0,96 (0,00)	0,25 (0,18)	0,35 (0,03)	0,32 (0,02)
EEG (g)	0,78 (0,07)	0,84 (0,02)	0,80 (0,01)	0,12 (0,18)	0,34 (0,04)	0,26 (0,02)
CZG (g)	0,85 (0,06)	0,74 (0,02)	0,76 (0,01)	0,18 (0,19)	0,23 (0,03)	0,22 (0,02)

Na avaliação da associação genética entre PV42 e as demais características (Tabela 3) foi possível constatar que a seleção para esta variável poderá resultar em maiores rendimentos de carcaça e maiores porcentagens de matéria seca na carcaça. A associação residual teve o mesmo sentido, porém com estimativas mais confiáveis.

ÁVILA et al (1993), utilizando aves com 50 dias de idade verificaram correlação fenotípica entre PV42 e RC de 0,35, próxima à descrita no presente trabalho ($0,33 \pm 0,016$), enquanto que ZEREHDARAN et al (2004), encontraram valores de correlação genética e fenotípica para peso vivo aos 49 dias de idade e rendimento de carcaça de $0,22 \pm 0,15$ e $0,22 \pm 0,03$ respectivamente. ABRAM & GOODWIN (1977) afirmaram que aves de maior peso vivo não necessariamente terão maior rendimento de carcaça.

A associação fenotípica entre PV42 e UC ($-0,33 \pm 0,016$) foi de maior valor absoluto do que aquela descrita por PESTI & BAKALLI (1997), de $-0,224$.

A matéria seca e umidade da carcaça representam expressões fenotípicas inversamente proporcionais da mesma característica. Assim, as associações genéticas e ambientais de cada uma delas com as demais características tiveram mesma magnitude e sinais contrários (Tabelas 3 e 6).

As associações genéticas e ambientais entre PV42 e proteína bruta, extrato etéreo e cinza, medidas na matéria natural ou na matéria seca da carcaça (Tabela 3) foram similares. O aumento no PV42 resultaria em maior porcentagem de extrato etéreo e menor porcentagem de proteína bruta e cinzas na carcaça. SIEGEL (1984) e BECKER et al. (1984) descreveram uma associação genética e fenotípica entre peso vivo e extrato etéreo na carcaça, de mesmas magnitudes, constatadas no presente trabalho.

A seleção que favoreça maior PV42 resultaria em animais com maiores quantidades, em gramas, de proteína bruta, extrato etéreo e cinzas, de acordo com as estimativas das correlações genéticas entre estas características (Tabela 3).

Associações fenotípicas entre PV42 e constituintes da carcaça, expressos em porcentagem da matéria natural (Tabela 3) foram de mesmo sentido e magnitude próxima daquelas encontradas por CHAMBERS & FORTIN (1984), exceto em relação a PBMN. Tais autores encontraram correlações fenotípicas entre peso vivo (47 a 61 dias de idade) e proteína bruta, extrato etéreo e cinzas medidos em porcentagem da matéria natural de -0,18, 0,56 e -0,25, respectivamente.

As correlações fenotípicas entre PV42 e proteína bruta, extrato etéreo e cinzas medidos em porcentagem da matéria seca e em gramas (Tabela 3), também se assemelham com as descritas por CHAMBERS & FORTIN (1984), que observaram valores de associações fenotípicas entre peso vivo e EEMS, EEG, PBMS, PBG, CZMS e CZG de 0,53, 0,82, -0,47, 0,93, -0,46 e 0,79, respectivamente.

Observou-se, a partir da Tabela 3, que não houve associação genética linear entre rendimento de carcaça e as demais características, exceto desta com PBMN ($0,55 \pm 0,253$) e PBG ($0,25 \pm 0,182$), apesar dos erros-padrão das estimativas serem altos. Portanto, a seleção para rendimento de carcaça pouco iria influenciar os constituintes da carcaça.

As estimativas de correlações genéticas e ambientais e respectivos erros-padrão, entre proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidos respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), e da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG) são mostradas na Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal), ambientais (abaixo da diagonal) e respectivos erros-padrão, entre parênteses, entre proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidas respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), e da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG).

Variável	PBMS	EEMS	CZMS	PBMN	EEMN	CZMN	PBG	EEG	CZG
PBMS		-0,99 (0,004)	0,96 (0,021)	0,87 (0,147)	-1,00 (0,003)	0,87 (0,063)	-0,41 (0,155)	-0,91 (0,033)	0,03 (0,191)
EEMS	-0,85 (0,019)		-0,97 (0,013)	-0,86 (0,153)	1,00 (0,001)	-0,91 (0,045)	0,41 (0,153)	0,91 (0,031)	-0,04 (0,188)
CZMS	0,43 (0,054)	-0,65 (0,035)		0,73 (0,207)	-0,98 (0,012)	0,98 (0,014)	-0,43 (0,154)	-0,90 (0,040)	0,06 (0,191)
PBMN	0,21 (0,027)	-0,17 (0,029)	0,10 (0,025)		-0,86 (0,163)	0,59 (0,235)	-0,28 (0,298)	-0,80 (0,186)	0,00 (0,302)
EEMN	-0,85 (0,019)	0,93 (0,010)	-0,56 (0,044)	0,14 (0,038)		-0,91 (0,046)	0,40 (0,154)	0,91 (0,032)	-0,05 (0,189)
CZMN	0,09 (0,050)	-0,37 (0,037)	0,86 (0,008)	0,40 (0,017)	-0,16 (0,050)		-0,40 (0,173)	-0,83 (0,073)	0,12 (0,200)
PBG	-0,25 (0,055)	0,27 (0,060)	-0,22 (0,045)	0,33 (0,024)	0,38 (0,056)	0,00 (0,034)		0,74 (0,082)	0,86 (0,051)
EEG	-0,67 (0,037)	0,74 (0,032)	-0,50 (0,044)	0,11 (0,031)	0,79 (0,027)	-0,19 (0,042)	0,82 (0,022)		0,36 (0,165)
CZG	-0,22 (0,053)	0,04 (0,057)	0,36 (0,041)	0,29 (0,020)	0,18 (0,057)	0,57 (0,025)	0,78 (0,013)	0,55 (0,039)	

N=3422

De acordo com a referida Tabela 4, quando as características foram expressas em porcentagem da matéria seca, verificou-se que PBMS possui alta associação genética inversamente proporcional a EEMS ($-0,99 \pm 0,004$) e diretamente proporcional a CZMS ($0,96 \pm 0,021$). Por sua vez, a correlação genética entre EEMS e CZMS foi alta e inversamente proporcional ($-0,97 \pm 0,013$). Portanto, a seleção para qualquer

constituente da carcaça expresso em porcentagem da matéria seca iria afetar os demais medidos da mesma forma (porcentagem da matéria seca). Em relação às estimativas de correlação ambiental, observou-se que estas características respondem ao ambiente em conjunto com os desvios genéticos não aditivos, no mesmo sentido verificado para as correlações genéticas.

Na avaliação das estimativas das correlações genéticas entre as características medidas em porcentagem na matéria natural (Tabela 4), observaram-se resultados semelhantes àqueles obtidos quando estas foram medidas em porcentagem da matéria seca. Assim, a associação genética entre PBMN e EEMN foi negativa e alta ($-0,86 \pm 0,163$) e positiva e alta ($0,59 \pm 0,235$) entre PBMN e CZMN. A correlação genética entre EEMN e CZMN foi alta e negativa ($-0,91 \pm 0,046$). Diferentes associações ambientais, comparadas com as estimativas de correlação genética, foi verificada entre PBMN e EEMN ($0,14 \pm 0,038$), enquanto que as demais tiveram os mesmos sinais e diferentes magnitudes ($0,40 \pm 0,017$ e $-0,16 \pm 0,050$, respectivamente entre PBMN e CZMN e entre EEMN e CZMN).

Os resultados observados para as estimativas de correlações genéticas e ambientais (Tabela 4) entre as três características medidas em gramas foram distintos daqueles expressos em porcentagem da matéria seca e da matéria natural. As estimativas de correlação genética foram positivas e iguais a $0,36 \pm 0,165$ (EEG e CZG), $0,74 \pm 0,082$ (PBG e EEG) e $0,86 \pm 0,051$ (PBG e CZG), assim como foram as associações ambientais. Estes valores eram esperados, considerando que o aumento em gramas de um constituinte está geneticamente associado a ganhos nos demais, também em gramas.

Em relação à proteína bruta (Tabela 4; Figura 1), verificou-se que, embora PBMS e PBMN mostraram estar fortemente associadas geneticamente ($0,87 \pm 0,147$), a expressão em gramas desta característica (PBG) não possuiu associação genética linear diretamente proporcional a PBMS ($-0,41 \pm 0,155$) e PBMN ($-0,28 \pm 0,298$). Os mesmos resultados verificados entre as medidas de proteína bruta puderam ser

observados em relação a cinzas (Figura 3). Assim, CZMS e CZMN foram altamente correlacionados geneticamente ($0,98 \pm 0,014$) enquanto que CZMS e CZMN não tiveram correlação genética linear com CZG ($0,06 \pm 0,191$ e $0,12 \pm 0,200$, respectivamente). Concluiu-se que, tanto a proteína bruta quanto cinzas não são a expressão exata da mesma característica quando medidas em porcentagem da matéria seca e matéria natural e em gramas.

A correlação genética entre EEMS e EEMN, igual a $1,00 \pm 0,001$ (Tabela 4), indica que a medida tanto em porcentagem da matéria seca como da matéria natural pode ser utilizada para avaliar a porcentagem de gordura na carcaça. Além disto, a associação genética entre EEG e estas características foi alta e de mesmo valor ($0,91 \pm 0,031$). Portanto, o extrato etéreo foi expresso da mesma forma nas diferentes medidas (Figura 2).

As estimativas das correlações genéticas entre PBMS e PBG e entre CZMS e CZG são pouco confiáveis, devido aos altos valores dos erros-padrão, (Tabela 4), assim evidenciou-se que não há uma associação genética linear para a expressão da mesma característica em porcentagem da matéria seca e em gramas. No entanto, a correlação genética entre EEMS e EEG foi alta e confiável. Neste caso, a associação genética linear entre estas foi evidente. A seleção para EEMS irá favorecer indivíduos com alta quantidade de extrato etéreo, expresso em gramas.

As associações ambientais entre as características (proteína bruta, extrato etéreo e cinzas), medidas nas diferentes formas, foram de mesmo sinal e magnitudes diferentes (Tabela 4), daquelas estimativas de correlação genética, exceto entre PBMN e PBG. As estimativas de correlação ambiental e genética entre estas características foram, respectivamente, $0,33 \pm 0,024$ e $-0,28 \pm 0,298$.

As associações genéticas entre proteína bruta e extrato etéreo (Tabela 4), expressos nas diferentes medidas (PBMS e EEMN, PBMS e EEG, PBMN e EEMS e entre PBMN e EEG) foram altas e negativas ($-1,00 \pm 0,003$, $-0,91 \pm 0,033$, $-0,86 \pm 0,153$

e $-0,80 \pm 0,186$, respectivamente), exceto entre PBG e EEMN ($0,40 \pm 0,154$) e PBG e EEMS ($0,41 \pm 0,153$). A alta e negativa correlação genética entre PBMS e EEMN indicou que ambas são expressões de características complementares. A seleção para maior quantidade de proteína bruta na carcaça poderá favorecer, em geral, indivíduos com menor quantidade de extrato etéreo. Porém, os diferentes resultados obtidos quando a proteína bruta foi tomada em gramas indicou que esta não seria a melhor maneira de medir a associação desta característica com extrato etéreo. Em geral, a proteína bruta e o extrato etéreo respondem ao ambiente e aos desvios genéticos não aditivos de forma inversamente proporcional e com alto grau de associação, exceto entre EEMN e PBG ($0,38 \pm 0,056$).

A correlação genética entre CZMN e PBMS foi alta e positiva ($0,87 \pm 0,063$), assim como entre CZMS e PBMN ($0,73 \pm 0,207$), enquanto que as correlações ambientais foram baixas ($0,09 \pm 0,050$ e $0,10 \pm 0,025$, respectivamente). Quando cinzas (expressa em porcentagem da matéria natural ou da matéria seca) foi correlacionada geneticamente com proteína bruta em gramas, foram obtidas estimativas de magnitude e sinais similares ($-0,40 \pm 0,173$ e $-0,43 \pm 0,154$, respectivamente) enquanto que as respectivas correlações ambientais foram $0,00 \pm 0,034$ e $-0,22 \pm 0,045$. As estimativas de correlação genética entre CZG e PBMS ($0,03 \pm 0,191$) e com PBMN ($0,00 \pm 0,302$) foram nulas. Associações ambientais entre estas características foram de magnitudes e sinais diferentes, sendo $-0,22 \pm 0,053$ e $0,29 \pm 0,020$, respectivamente, entre CZG e PBMS e entre CZG e PBMN.

Na avaliação da associação genética entre cinzas, expressa em gramas, com extrato etéreo nas diferentes medidas (Tabela 4), verificou-se que as estimativas de correlação genética entre CZG e EEMS ($-0,04 \pm 0,188$) e CZG e EEMN ($-0,05 \pm 0,189$) foram próximas de zero e com valores altos de erros-padrão. Correlações ambientais foram iguais a $0,04 \pm 0,057$ e $0,18 \pm 0,057$, respectivamente, entre CZG e EEMS e entre CZG e EEMN. Assim, tal como se constatou no estudo da relação entre cinzas e proteína bruta, não é recomendado avaliar a associação entre cinzas e extrato etéreo, quando a primeira é expressa em gramas.

As associações genéticas entre CZMN e EEMS e entre CZMS e EEMN (Tabela 4) foram negativas e altas ($-0,91 \pm 0,045$ e $-0,98 \pm 0,012$, respectivamente). As correlações ambientais entre as mesmas também foram negativas, porém de menor magnitude ($-0,37 \pm 0,037$ e $-0,56 \pm 0,044$, respectivamente). Quando cinzas (expressa em porcentagem da matéria natural ou da matéria seca) foi correlacionada geneticamente com extrato etéreo em gramas, estimativas de alta magnitude e negativas também foram obtidas ($-0,83 \pm 0,073$ e $-0,90 \pm 0,040$, respectivamente) enquanto que as respectivas correlações ambientais foram $-0,19 \pm 0,042$ e $-0,50 \pm 0,044$.

As estimativas das correlações fenotípicas entre proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidas respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), em porcentagem da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG) são mostradas na tabela 5.

Tabela 5. Estimativas de correlações fenotípicas entre proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça e respectivos erros-padrão, entre parênteses, medidas respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), e da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG).

Variável	PBMS	EEMS	CZMS	PBMN	EEMN	CZMN	PBG	EEG
EEMS	-0,91 (0,007)							
CZMS	0,65 (0,013)	-0,78 (0,011)						
PBMN	0,23 (0,017)	-0,20 (0,017)	0,14 (0,017)					
EEMN	-0,92 (0,007)	0,96 (0,005)	-0,74 (0,011)	0,00 (0,017)				
CZMN	0,30 (0,016)	-0,49 (0,015)	0,88 (0,008)	0,39 (0,016)	-0,37 (0,016)			
PBG	-0,30 (0,016)	0,31 (0,016)	-0,28 (0,016)	0,26 (0,016)	0,37 (0,016)	-0,08 (0,017)		
EEG	-0,78 (0,016)	0,82 (0,010)	-0,65 (0,013)	0,005 (0,017)	0,84 (0,009)	-0,34 (0,016)	0,78 (0,011)	
CZG	-0,13 (0,017)	0,01 (0,017)	0,27 (0,016)	0,25 (0,016)	0,11 (0,017)	0,49 (0,015)	0,79 (0,010)	0,47 (0,015)

N=3422

As estimativas de correlações fenotípicas (Tabela 5) entre PBMS e EEMS (-0,91 \pm 0,007) e entre EEMS e CZMS (-0,78 \pm 0,011), tiveram alta magnitude e mesmo sinal que as de correlações genéticas entre elas, enquanto que para PBMS e CZMS (0,65 \pm 0,013) existiu alta associação fenotípica linear e de mesmo sentido. CHAMBERS & FORTIN (1984) encontraram correlações fenotípicas de mesmo sentido e magnitudes diferentes, quando comparadas com as estimadas para as mesmas características no

presente trabalho. Esses autores verificaram associações fenotípicas de -0,95 para PBMS e EEMS, 0,74 para PBMS e CZMS e de -0,80 para EEMS e CZMS.

As estimativas de correlações fenotípicas (Tabela 5) entre os componentes da carcaça medidos em gramas foram positivas, variando de $0,47 \pm 0,015$ a $0,79 \pm 0,010$. CHAMBERS & FORTIN (1984), também obtiveram associações positivas entre essas mesmas características, que foram de 0,65 entre PBG e EEG, 0,84 entre PBG e CZG e 0,49 entre EEG e CZG.

Para proteína bruta (PBMN) e extrato etéreo (EEMN) medidos na matéria natural, os resultados sugerem não existir relação linear entre os fenótipos das características (Tabela 5). Resultado diferente deste foi relatado na literatura por WASHBURN et al. (1975) e por CHAMBERS & FORTIN (1984) com estimativas iguais a -0,46 e -0,70.

A correlação fenotípica entre PBMN e CZMN (Tabela 5) indica associação diretamente proporcional ($0,39 \pm 0,016$) entre elas, enquanto que entre EEMN e CZMN esta foi inversamente proporcional ($-0,37 \pm 0,016$). CHAMBERS & FORTIN (1984), observaram correlações fenotípicas para estas mesmas características de mesmo sentido e magnitudes diferentes, que foram de 0,42 e -0,46 para PBMN e CZMN e EEMN e CZMN, respectivamente.

Associações fenotípicas (Tabela 5) entre extrato etéreo nas diferentes medidas ($0,82 \pm 0,010$ a $0,96 \pm 0,005$), assim como para cinzas ($0,27 \pm 0,016$ a $0,88 \pm 0,008$) foram positivas, indicando relação linear diretamente proporcional. Porém, na avaliação de proteína bruta nas diferentes medidas, a expressão da mesma em gramas foi inversamente proporcional à matéria seca ($-0,30 \pm 0,016$), diferente dos demais resultados ($0,23 \pm 0,017$ e $0,26 \pm 0,016$, respectivamente entre PBMS e PBMN e entre PBMN e PBG).

As estimativas das correlações fenotípicas entre proteína bruta e extrato etéreo (Tabela 5) variaram entre $-0,92 \pm 0,007$ (PBMS e EEMN) e $0,37 \pm 0,016$ (EEMN e PBG), sendo igual a zero entre PBMN e EEG, quando estas foram medidas nas

diferentes formas. Portanto, nestas condições, não foi possível associar fenotipicamente ambas. Resultados similares foram obtidos quando foram estimadas correlações fenotípicas entre proteína bruta e cinzas ($-0,28 \pm 0,016$ a $0,79 \pm 0,010$) e extrato etéreo e cinzas ($-0,78 \pm 0,011$ a $0,11 \pm 0,017$) nas diferentes medidas.

Estimativas de correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre matéria seca e de umidade da carcaça, em porcentagem, com as demais características estudadas estão relacionadas na Tabela 6.

Tabela 6. Estimativas de correlações genéticas (r_a), ambientais (r_e) e fenotípicas (r_p) e respectivos erros-padrão, entre parênteses, entre porcentagem da matéria seca (MS) e de umidade da carcaça (UC) com proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidas respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS) e da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG).

Variável*	MS			UC		
	r_a	r_e	r_p	r_a	r_e	r_p
MS				1,00 (0,108)	-1,00 (0,036)	-0,94 (0,006)
UC	1,00 (0,108)	-1,00 (0,036)	-0,94 (0,006)			
PBMN	-0,83 (0,191)	0,59 (0,035)	0,40 (0,016)	0,83 (0,191)	-0,59 (0,035)	-0,40 (0,016)
EEMN	0,99 (0,004)	0,83 (0,012)	0,88 (0,008)	-0,99 (0,004)	-0,83 (0,012)	-0,88 (0,008)
CZMN	-0,90 (0,057)	0,23 (0,051)	-0,04 (0,008)	0,90 (0,058)	-0,23 (0,051)	0,04 (0,008)
PBMS	-1,00 (0,004)	-0,66 (0,030)	-0,79 (0,010)	1,00 (0,004)	0,66 (0,030)	0,79 (0,010)
EEMS	0,99 (0,007)	0,58 (0,037)	0,73 (0,011)	-0,99 (0,007)	-0,58 (0,037)	-0,73 (0,011)
CZMS	-0,97 (0,017)	-0,28 (0,053)	-0,52 (0,015)	0,97 (0,017)	0,28 (0,053)	0,52 (0,015)
PBG	0,41 (0,158)	0,45 (0,038)	0,43 (0,015)	-0,41 (0,158)	-0,45 (0,038)	-0,435 (0,015)
EEG	0,92 (0,033)	0,64 (0,030)	0,74 (0,011)	-0,92 (0,033)	-0,64 (0,030)	-0,74 (0,011)
CZG	-0,06 (0,195)	0,39 (0,042)	0,27 (0,016)	0,06 (0,195)	-0,39 (0,042)	-0,27 (0,016)

N=3422

A expressão em porcentagem da matéria seca é complementar à umidade da carcaça em porcentagem, considerando a absoluta associação genética ($1,00 \pm 0,108$) e ambiental ($-1,00 \pm 0,036$) e a alta correlação fenotípica ($-0,94$) entre elas. Assim, observou-se que as relações entre cada uma das características e as demais são idênticas e de sinal contrário. Portanto, a discussão das correlações entre matéria seca da carcaça e as demais características deve ser a mesma para umidade da carcaça em relação às demais.

A associação genética entre porcentagem de umidade na carcaça e proteína bruta expressa em porcentagem, tanto na matéria seca (PBMS) quanto na matéria natural (PBMN), foram altas e diretamente proporcionais ($1,00 \pm 0,004$ e $0,83 \pm 0,191$, respectivamente). O mesmo resultado foi verificado em relação a cinzas, em que as estimativas de correlações genéticas entre UC e CZMS ($0,97 \pm 0,017$) e entre UC e CZMN ($0,90 \pm 0,058$) foram também positivas e altas.

SILVA et al. (2003) obtiveram uma alta correlação negativa ($r = -0,880$; $P < 0,0001$) entre a umidade e a porcentagem de lipídios da carcaça. Redução semelhante na porcentagem de lipídios ($-0,88$), com o aumento da porcentagem de umidade da carcaça, também foi observado por PESTI & BAKALLI (1997).

As associações ambientais entre UC e EEMN, PBMS, EEMS, CZMS, PBG e EEG foram de mesmo sinal e magnitudes diferentes daquelas de correlação genética. Para UC e PBMN e UC e CZMN, os valores das estimativas de correlação ambiental foram de magnitude similar e sinais contrários às correlações genéticas entre estas características. Assim, na interpretação das associações genéticas deve-se levar em conta que as mesmas características respondem de forma inversa ao ambiente.

As estimativas de correlações genéticas entre extrato etéreo, medido em porcentagem da matéria seca e da matéria natural, e umidade na carcaça foram altas e inversamente proporcionais, considerando as estimativas de correlação genética entre UC e EEMS ($-0,99 \pm 0,007$) e entre UC e EEMN ($-0,99 \pm 0,004$).

As correlações genéticas envolvendo UC e a expressão dos constituintes da carcaça em gramas foram negativas para PBG ($-0,41 \pm 0,158$) e EEG ($-0,92 \pm 0,033$) e praticamente nula para CZG ($0,06 \pm 0,195$). Porém, a correlação ambiental entre UC e CZG ($-0,39 \pm 0,042$) indica que ambas respondem inversamente ao ambiente e aos desvios genéticos não aditivos.

Correlações ambientais e fenotípicas de UC com as demais características foram de magnitudes semelhantes e mesmo sinais, exceto entre UC e CZMN, cujas estimativas foram, respectivamente, iguais a $-0,23 \pm 0,051$ e $0,04 \pm 0,008$.

Na literatura consultada, foram encontradas estimativas de correlações fenotípicas entre proteína bruta e cinzas (expressos na matéria seca) e umidade na carcaça. CHAMBERS & FORTIN (1984) obtiveram associações fenotípicas de 0,92 (PBMS e UC) e 0,72 (CZMS e UC).

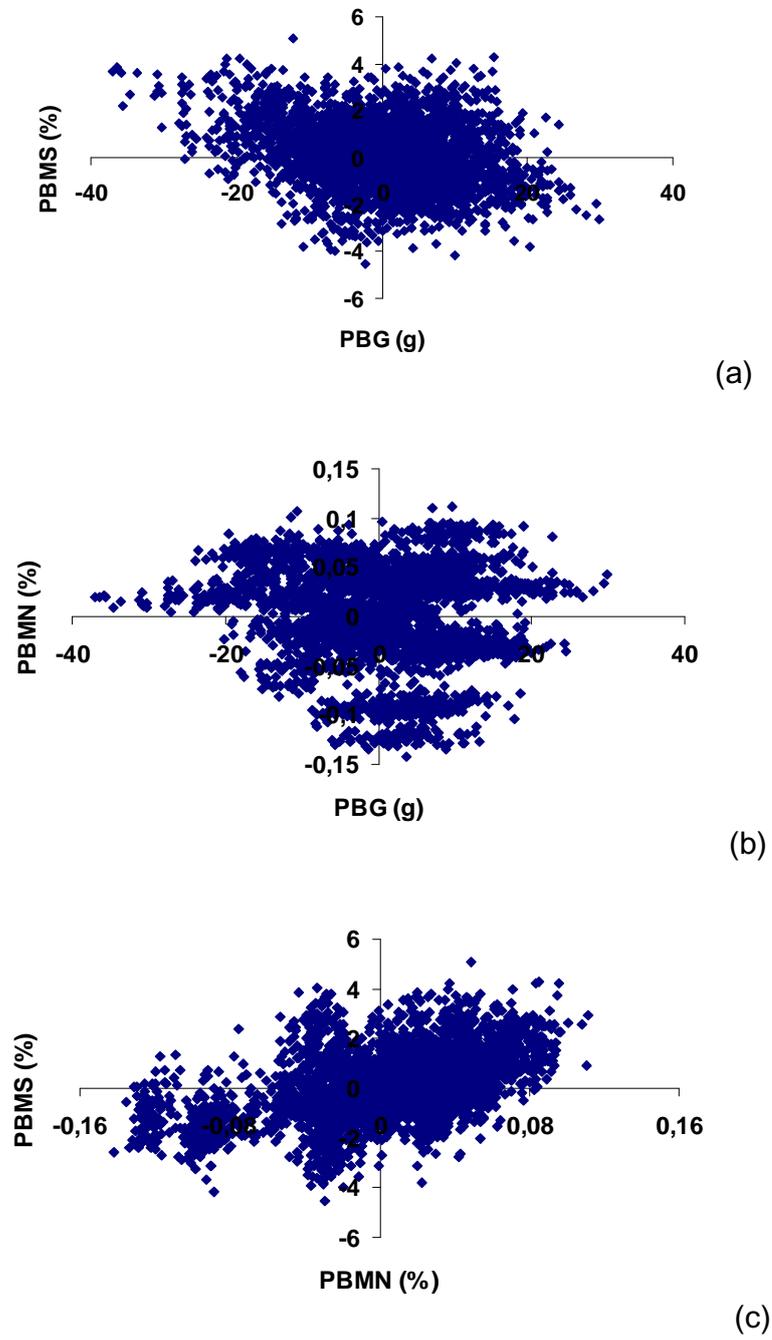
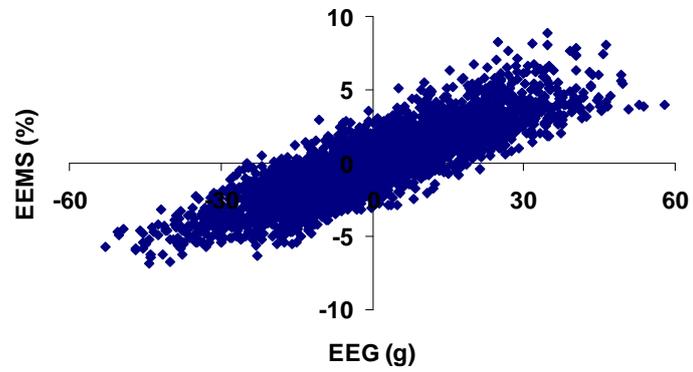
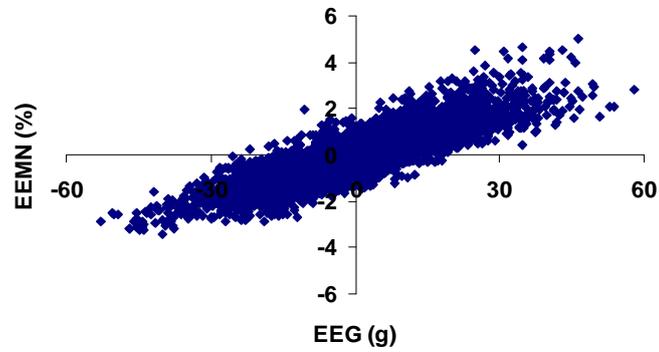


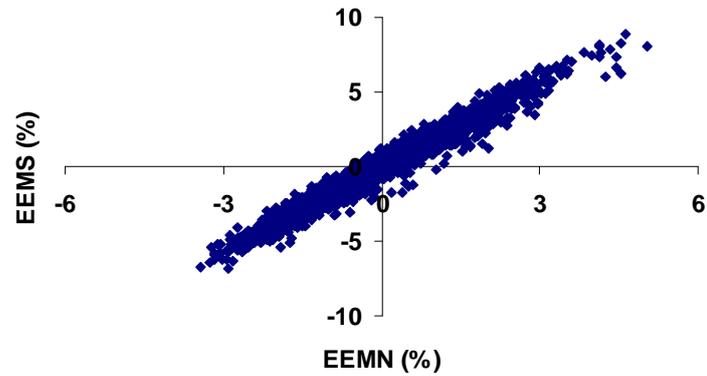
Figura 1. Variação dos valores genéticos de proteína expressa na matéria seca (PBMS), em gramas (PBG) e matéria natural (PBMN), sendo (a) PBG x PBMS, (b) PBG x PBMN e (c) PBMN x PBMS.



(a)



(b)



(c)

Figura 2. Variação dos valores genéticos de extrato etéreo expresso na matéria seca (EEMS), em gramas (EEG) e matéria natural (EEMN), sendo (a) EEG x EEMS, (b) EEG x EEMN e (c) EEMN x EEMS.

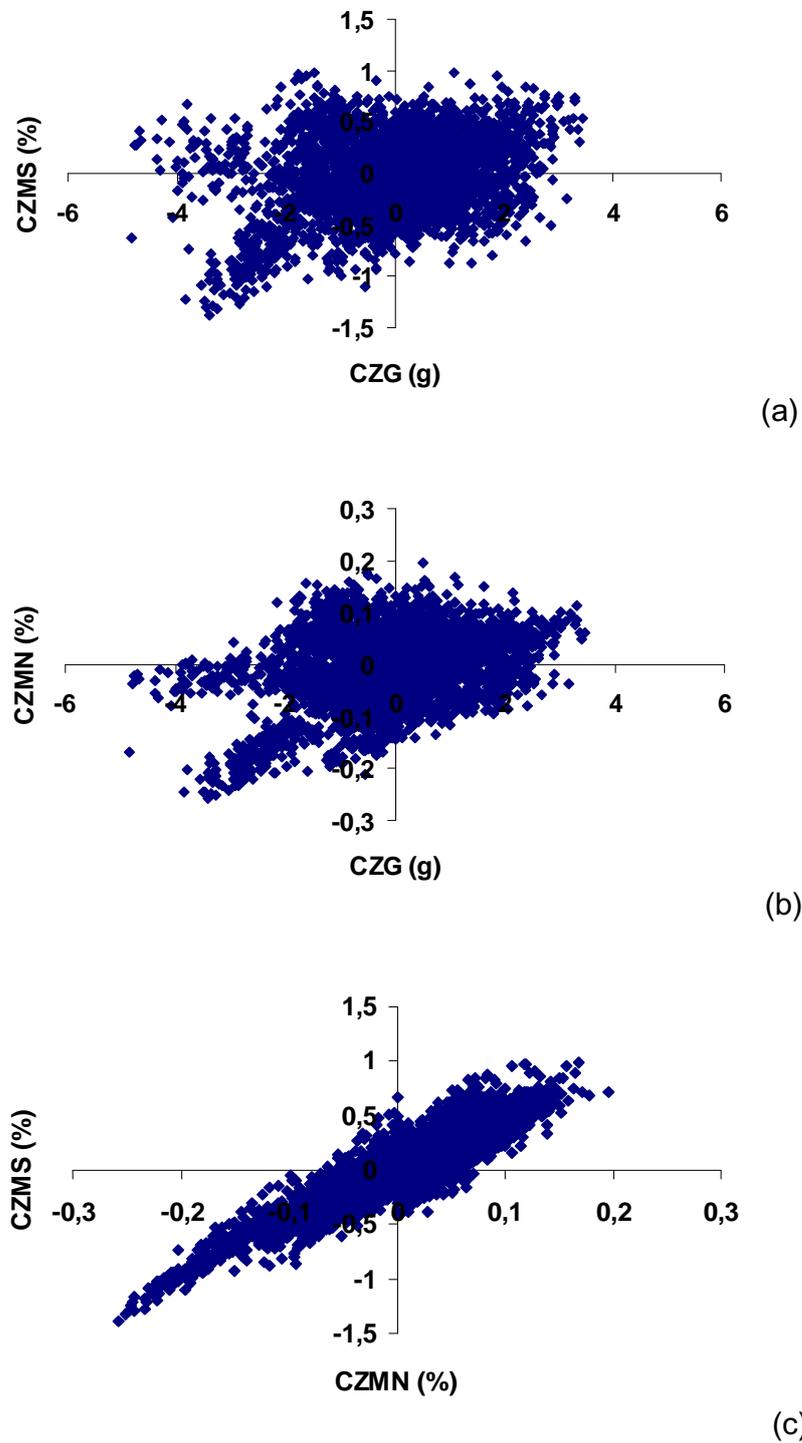


Figura 3. Variação dos valores genéticos de cinzas expressa na matéria seca (CZMS), em gramas (CZG) e matéria natural (CZMN), sendo (a) CZG x CZMS, (b) CZG x CZMN e (c) CZMN x CZMS.

CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade para PV42, MS, UC, EEMN, PBMS, EEMS, CZMS, PBG e EEG, obtidas por análise uni-característica, indicaram que há proporção suficiente da variância fenotípica atribuída aos efeitos aditivos dos genes e, conseqüentemente, que a seleção com base no indivíduo para estas características seria eficiente.

As expressões das características de constituição da carcaça (proteína bruta, extrato etéreo e cinzas) em porcentagem da matéria seca seriam as mais adequadas para a seleção baseada nas estimativas de herdabilidades.

O aumento no PV42 deve resultar em maior porcentagem de extrato etéreo e menor porcentagem de proteína bruta e cinzas na carcaça. Enquanto que a seleção para rendimento de carcaça pouco irá influenciar os constituintes de composição da carcaça.

As associações genéticas entre as características medidas na carcaça e expressas em porcentagem da matéria seca indicaram que a seleção para proteína bruta poderia favorecer maiores proporções de cinzas e menor acúmulo, em porcentagem, de gordura na carcaça.

BIBLIOGRAFIA

ABRAM, J.L.; GOODWIN, T.L. A study of broiler carcass yields from five commercial strains. **Poultry Science**, v.56, n.2, p.1691-1692, 1977.

ANDRADE, A.N. Avicultura do futuro: uma perspectiva para o século 21. In: **REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**, 30, 1990, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1990. p, 71-76.

ARGENTÃO, C.; MICHELAN FILHO, T.; MARQUES, J.L.B. ; SOUZA, E.M.; ELER, J.P. ; FERRAZ, J.B.S. Genetic and phenotypic parameters of growth and carcass traits of a male line of broilers raised in tropical conditions. In: **WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 7, 2002, Montpellier, França. **Proceedings...** Montpellier : WCGALP, 2002. v. 4. p, 333-336.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES E EXPORTADORES DE FRANGOS. <http://www.abef.com.br/>. Acesso em 14 de março de 2007.

ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS. Official methods of analytical chemists. 14.ed. Arlington, 1984. 1141p.

AVILA, V.S.; LEDUR, M.C.; BARIONI JR, W.; SCHMIDT, G.S.; COSTA, C.N. Desempenho e qualidade de carcaça em linhagens comerciais de frangos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, p.649-656, 1993.

BARBOSA, L.; REGAZZI, A.J.; LOPES, P.S.; BREDÁ, F.C.; SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; TORRES FILHO, T.A. Evaluation of genetic divergence among lines of laying hens using cluster analysis. **Brazilian Journal of Poultry Science**, Campinas, v.7, n.2, p.79-84, 2005.

BECKER, W. A.; SPENCER, J.V.; MIROSH, L.W.; VERSTRATE, J.A. Genetic variation of abdominal fat, body weight, and carcass weight in a female broiler line. **Poultry Science**, v.63, p.607-611, 1984.

BECKER, W.A.; SPENCER, J.V.; MIROSH, L.W.; VERSTRATE, J.A. Abdominal and carcass fat in five broiler strains. **Poultry Science**, v.60, n.4, p.693-697, 1981.

BERRI, C.; WACRENIER, N.; MILLET, N.; LE BIHAN-DUVAL, E. Effect of selection for improved body composition on muscle and meat characteristics of broilers from experimental and commercial lines. **Poultry Science**, v.80, p.833-838, 2001.

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D., VAN TASSEL, C.P., KACHMAN, S.D. **A manual for the use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariances (Draft)**. USDA- ARS, Lincoln, NE., 1995, 121 p.

CAHANER, A., e NITSAN, Z. Evaluation of simultaneous selection for live body weight and against abdominal fat in broilers. **Poultry Science**, v. 64, p.1257-1263, 1985.

CAMPOS, E. J; PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético das aves. In: PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte : FEP-MVZ, 1999. Cap. 17, p. 284-314.

CASTILLO, C.J.C.; CUSTÓDIO, C.V. Atributos de qualidade em carcaça de frangos: vale a pena avaliar em nível de produção industrial? In: **CONFERÊNCIA APINCO 2002 DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AVÍCOLAS**, 2002, Campinas. **Anais...** Campinas: FACTA, 2002. p, 31-46.

CHAMBERS, J. R., Genetics of growth and meat production in chickens. In: CRAWFORD, R.D. (Ed.) **Poultry Breeding and Genetics**. Amsterdam: Elsevier Science Publishers, 1990. p. 599-643.

CHAMBERS, J.R. Advantages and disadvantages of genetic improvement of meat-type poultry and possible solutions. In: **SIMPÓSIO TÉCNICO DE MATRIZES DE CORTE**, 1., 1995, Chapecó. **Anais...** Chapecó: Associação Catarinense de Avicultura, 1995. p, 120-131.

CHAMBERS, J.R.; FORTIN, A. live body and carcass measurements as predictors of chemical composition of carcasses of male broiler chickens. **Poultry Science**, v. 63, p. 2187-2196, 1984.

FALCONER, D.S., MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow, Inglaterra: Longman, 1996. 464p.

FRIARS, G.W. Relationships among growth, carcass composition and feed utilization in broilers. In: **The Thirty-Third National Breeders'Roundtable**, St. Louis, Missouri, 1984. 15p.

GAYA, L.G. **Estudo genético da deposição de gordura abdominal e de características de desempenho, carcaça e composição corporal em linhagem macho de frangos de corte**. 2003. 99 f. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, São Paulo. Disponível em <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/74/74131/tde-12042004-164232/>. Acesso em: 31 mar. 2007.

HARTMANN, W. From Mendel to multi-national in poultry breeding. **Poultry Science**, v.29, p.3-26, 1988.

HAVENSTEIN, G.B.; TOELLE, V.D.; NESTOR, K.E.; BACON W.L. Estimates of genetic parameters in turkeys. 2. Body weight and carcass characteristics. **Poultry Science**, Savoy, v.67, p.1388-1399, 1988.

KESSLER, A.M.; SNIZEK JR.; P.N., BRUGALLI, I. Manipulação da quantidade de gordura na carcaça de frangos. In: **CONFERÊNCIA APINCO DE CIÊNCIA E**

TECNOLOGIA AVÍCOLAS, 2000, Campinas. **Anais...** Campinas: FACTA, 2000. p, 107-134.

LE BIHAN-DUVAL, E.; BERRI, C.; BAEZA, E.; MILLET, N.; BEAUMONT, C. Estimation of the genetic parameters of meat characteristics and of their genetic correlations with growth and body composition in an experimental broiler line. **Poultry Science**, v.80, p.839-843, 2001.

LE BIHAN-DUVAL, E.; MILLET, N.; REMIGNON, H. Effect of deletion for increased carcass quality and estimates of genetic parameters. **Poultry Science**, v.78, p.822-826, 1999.

LEDUR, M.C.; BERTANI, G.R.; NONES, K. Genômica nos processos de melhoramento genético avícola.. In: **CONFERÊNCIA APINCO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AVÍCOLAS**, 2003, Campinas: **Anais...** Campinas: FACTA, 2003. p, 87-105.

LEDUR, M.C.; SHMIDT, G.S.; AVILA, V.S.; FIGUEIREDO, E.A.P.; MUNARI, D.P. Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso corporal em diferentes idades em linhagens de frango de corte. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.21, p.667-673, 1992.

LEENSTRA, F.R., PIT, R. Fat deposition in a broiler sire line: Heritability of and genetic correlations among body weight, abdominal fat, and feed conversion. **Poultry Science**, v.67. p.1-9, 1988.

LEENSTRA, F.R., VEREIJKEN, P.F.G., PIT, R. Fat deposition in a broiler sire strain I. Phenotypic and genetic variation in and correlations between abdominal fat, body weight and feed conversion. **Poultry Science**, Savoy, v.65, p.1225-1235, 1986.

LEMOS, A.L.C.S. Tendência na industrialização na carne das aves. In: **CONFERÊNCIA APINCO 2003 DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AVÍCOLAS**, 2003, Campinas. **Anais...** Campinas: FACTA, 2003. p, 87-105.

LIN, C.Y. Relationship between increased body weight and fat deposition in broilers. **World's Poultry Science Journal**, Beekbergen, v.37, n.2, p.106-110, 1981.

MELO, C.M.R.; NONES, K.; LEDUR, M.C.; ZANELLA, E.L.; MOURA, A.S.A.M.T.; COUTINHO, L.L. Parâmetros genéticos e fenotípicos de caracteres de desempenho e carcaça em um cruzamento experimental de linhagens de aves de corte e postura. In: **REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**, 2004, Campo Grande. **Anais eletrônicos...** Campo Grande, 2004, p.1-4.

MENDES, A.A. Rendimento e qualidade da carcaça de frangos de corte. In: **CONFERÊNCIA APINCO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AVÍCOLAS**, 2001, Campinas. **Anais...** Campinas: FACTA, 2001. v.2, p.79-99.

MICHELAN FILHO, T. **Seleção para diminuição do conteúdo de gordura em frangos**. Concórdia: EMBRAPACNPSA, 1986, p.19.

NORDSKOG, A.W. **Notes on poultry breeding and genetics**. Ames: Iowa State University, 1981. 206p.

PESTI, G.M.; BAKALLI, R.I. Estimation of the composition of broiler carcasses from their specific gravity. **Poultry Science**, v.76, p.948-951, 1997.

PIRCHNER, F. **Population genetics in animal breeding**. London: Plenum, 1983. 414p.

SCHMIDT, G.S.; COUTINHO, L.L.; FIGUEIREDO, E.A.P.; LEDUR, M.C.; ALVES, H.J. Morphological genetic markers for selection of broiler lines. **Brazilian journal of poultry science**, v.5, p.175-178, 2003.

SIEGEL, P.B, DUNNINGTON, E.A. Selection for growth in chickens. **Critical Review Poultry Biology**, v.1, p.1-24, 1987.

SIEGEL, P.B. Factors influencing excessive fat deposition in meat poultry. 1. Genetics. In: **XVII WORLD'S POULTRY CONGRESS**, 17, 1984, Helsinki. **Proceedings...** Helsinki, 1984. p, 51-52.

SILVA, J.H.V.; ALBINO, L.F.T.; NASCIMENTO, A.H. Estimativas da composição anatômica da carcaça de frangos de corte com base no nível de proteína da ração e peso da carcaça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.344-352, 2003.

SILVA, M.A.N.; SILVA, C.J.M.; MONDIM, M.; COELHO, A.A.D.; SAVINO, V.J.M.; Avaliação do ganho genético para características de produtividade de frangos de corte. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA**, 51., 2005, Águas de Lindóia. **Anais...**, Ribeirão Preto: SBG, 2005. 1 CD-ROM.

VAN VLECK, L. D. **Selection index and introduction to mixed model methods**. Boca Raton: CRC, 2000. 481 p.

VAN VLECK, L. D., POLLAK, E.J., OLTENACU, E.A.B. **Genetics for the animal sciences**. New York: Freeman, 1987. 391 p.

WANG, L.; McMILLAN, I. Genetic correlations among growth, feed and carcass traits of broiler sire and dam populations. **Poultry Science**, Savoy, v.70, p.719-725, 1991.

WASHBURN, K.W.; GUILL, R.A.; EDWARDS JR, H.M. Influence of genetic differences in feed efficiency on carcass composition of young chickens. **The Journal of Nutrition**, v. 105, p. 1311-1317, 1975.

YANG, N.; JIANG, R.S. Recent advances in breeding for quality chickens. **World's Science Poultry Journal**, Beekbergen, v. 61, n.3, p. 373-381, 2005.

ZEREHDARAN, S., VEREIJKEN, A.L.J., VAN ARENDONK, J .A.M. e VAN DER WAAIJ, E.H. Estimation of genetic parameters for fat deposition and carcass traits in broilers. **Poultry Science**, v.83. p. 521-525, 2004.

Anexo 1. Correlações simples de Pearson entre os valores genéticos obtidos por análise uni-característica para peso vivo (PV42) e rendimento de carcaça aos 42 dias (RC), matéria seca (MS) e umidade da carcaça (UC) e proteína bruta, extrato etéreo e cinzas na carcaça, medidas respectivamente em porcentagem da matéria seca (PBMS, EEMS, CZMS), em porcentagem da matéria natural (PBMN, EEMN, CZMN) e em gramas (PBG, EEG, CZG).

	RC	MS	UC	PBMS	EEMS	CZMS	PBMN	EEMN	CZMN	PBG	EEG	CZG
PV42	0,04*	0,30	-0,30	-0,33	0,32	-0,28	-0,21	0,32	-0,19	0,99	0,72	0,80
RC	-	0,02 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	0,03*	-0,03 ^{NS}	0,08	0,41	-0,02 ^{NS}	-0,10	0,06	0,02 ^{NS}	-0,05**
MS	-	-	-1,00	-0,92	0,89	-0,82	-0,40	0,95	-0,64	0,29	0,83	-0,10
UC	-	-	-	0,92	-0,89	0,82	0,40	-0,95	0,64	-0,29	-0,83	0,10
PBMS	-	-	-	-	-0,96	0,83	-0,54	-0,96	0,66	-0,27	-0,85	0,09
EEMS	-	-	-	-	-	-0,89	-0,54	0,98	-0,74	0,26	-0,86	-0,16
CZMS	-	-	-	-	-	-	0,49	-0,88	0,92	-0,23	-0,78	0,30
PBMN	-	-	-	-	-	-	-	-0,49	0,55	-0,11	-0,47	0,10
EEMN	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,71	0,27	0,87	-0,14
CZMN	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,14	-0,63	0,40
PBG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,68	0,83
EEG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,27

P<0,0001 para todas as estimativas, exceto: *P<0,05; **P<0,01; ^{NS} = Não significativo