

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia



Dissertação

Parâmetros e tendências genéticas para características de interesse econômico em linhas puras de frangos de corte

Vinícius Luiz Caprara

Pelotas, 2025

Vinícius Luiz Caprara

Parâmetros e tendências genéticas para características de interesse econômico em linhas puras de frangos de corte

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientadora: Dra. Arione Augusti Boligon
Coorientador: Dr. Daniel Duarte da Silveira

Pelotas, 2025

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação da Publicação

C251p Caprara, Vinícius Luiz

Parâmetros e tendências genéticas para características de interesse econômico em linhas puras de frangos de corte [recurso eletrônico] / Vinícius Luiz Caprara ; Arione Augusti Boligon, orientadora ; Daniel Duarte da Silveira, coorientador. — Pelotas, 2025.

36 f. : il.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2025.

1. Correlações. 2. Herdabilidades. 3. Índice da Medida do Peito. 4. Número de ovos. 5. Peso das aves. I. Boligon, Arione Augusti, orient. II. Silveira, Daniel Duarte da, coorient. III. Título.

CDD 636.513



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA, PÓS-GRADUAÇÃO E INOVAÇÃO
COORDENAÇÃO DE PÓS-GRADUAÇÃO

DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Aluno	23101047 - VINÍCIUS LUIZ CAPRARA		
CPF	00076655040	Nacionalidade	BRASILEIRA
Naturalidade	BENTO GONÇALVES		
Ingresso	SELEÇÃO PÓS-GRADUAÇÃO - 2023/1		
Programa	PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA		
Curso	7032 - ZOOTECNIA	Nível	MESTRADO ACADÊMICO
Modalidade	PRESENCIAL		

Dados pessoais dos membros da banca examinadora

Nome completo	Documento	Nasc	Titulação		
			Área	Local	Ano
ARIONE AUGUSTI BOLIGON	00220225036	1982	GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL	FCAV/UNESP	2011
ELSIO ANTONIO PEREIRA DE FIGUEIREDO	22548742091	1954	ANIMAL BREEDING	TEXAS A&M UNIVERSITY SYSTEM, TAMUS, ESTADOS UNIDOS	1986
DANIEL DUARTE DA SILVEIRA	02407376013	1988	MELHORAMENTO ANIMAL	UNIVERSIDADE FEDERAL DA PELOTAS	2022
JERRI TEIXEIRA ZANUSSO	72425091068	1973	SCIENCES AGRONOMIQUES	INP/ENSA - TOULOUSE, FRANÇA	2002

Membros da banca examinadora	Título	Assinatura
00220225036 - ARIONE AUGUSTI BOLIGON	DOUTORADO	<i>Arione Boligon</i>
22548742091 - ELSIO ANTONIO PEREIRA DE FIGUEIREDO	DOUTORADO	
02407376013 - DANIEL DUARTE DA SILVEIRA	DOUTORADO	
72425091068 - JERRI TEIXEIRA ZANUSSO	DOUTORADO	<i>Jeri T. Zanusso</i>

Ao(s) 26 dia(s) do mês de fevereiro de 2025 os membros acima nomeados para a defesa da DISSERTAÇÃO do estudante VINÍCIUS LUIZ CAPRARA matriculado no PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA, consideram APROVADO, estabelecendo o título definitivo da DISSERTAÇÃO como sendo "Parâmetros e tendências genéticas para características de interesse econômico em linhas puras de fâmites de corte", e estabelecendo um prazo máximo de 60 dia(s) para as correções e entrega da versão definitiva.

Eu, Arione Augusti Boligon, atesto que o(s) membro(s) da banca listado(s) acima sem assinatura participou/aram da sessão de forma remota e/ou por parecer.

Arione Boligon

Presidente da Banca

Agradecimentos

Agradeço a Deus por mostrar o caminho a ser seguido, sei que Ele tem um plano para nós.

Ao Felipe e ao Rafael, meus filhos, motivos pelo qual busco melhorar todos os dias, amo vocês.

Aos meus pais e irmãos, por serem meu porto seguro, amo vocês.

À Embrapa Suínos e Aves, na pessoa do Doutor Elsio Antonio Pereira de Figueiredo e toda sua equipe pela colaboração com a cedência dos dados e a ajuda incansável.

À minha orientadora, Dra. Arione Augusti Boligon pela oportunidade, confiança, por todo o apoio e conhecimento compartilhado durante a minha trajetória no mestrado.

Ao meu coorientador, Dr. Daniel Duarte da Silveira por toda a ajuda prestada, pelo conhecimento compartilhado e pela parceria durante os manejos.

Resumo

CAPRARA, Vinícius Luiz. **Parâmetros e tendências genéticas para características de interesse econômico em linhas puras de frangos de corte.** Orientadora: Arione Augusti Boligon. 2025. 36f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2025.

Em programas de melhoramento a estimativa contínua dos parâmetros genéticos, assim como a identificação das mudanças genéticas durante o processo de seleção, são fundamentais para a validação e adequação dos índices de seleção utilizados. Dessa forma, o presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de obter estimativas de herdabilidade e correlações genéticas, bem como os ganhos genéticos ao longo dos anos, para as características: Índice da Medida do Peito (IMP), peso corporal aos 35 dias de idade (P35) e número total de ovos produzidos até 64 semanas de vida (NO) em linhas puras de frangos de corte (KK, TT e PP), pertencentes ao programa de melhoramento genético da Embrapa Suínos e Aves. As herdabilidades estimadas para as características de crescimento (IMP e P35) apresentaram magnitudes moderadas, variando de 0,41 a 0,50, enquanto para a característica reprodutiva (NO), os valores foram baixos, entre 0,29 e 0,31. As correlações genéticas e fenotípicas entre IMP e P35 foram positivas nas linhagens KK e PP, e negativas na linhagem TT. Para a relação entre IMP e NO, as linhagens KK e PP apresentaram correlações negativas, enquanto a linhagem TT demonstrou correlação positiva. Já entre P35 e NO, observou-se um possível antagonismo genético nas três linhagens, com correlações genéticas negativas. As análises das tendências genéticas aditivas indicaram incrementos positivos e significativos ao longo dos anos para todas as características avaliadas nas três linhagens. Os achados reforçam a efetividade do processo seletivo adotado e fornecem subsídios relevantes para futuras pesquisas, especialmente na formulação de índices de seleção mais abrangentes, que integrem múltiplas características com vistas à maximização dos ganhos genéticos de forma sustentável.

Palavras-chaves: correlações; herdabilidades; Índice da Medida do Peito; número de ovos; peso das aves.

Abstract

CAPRARA, Vinícius Luiz. **Parameters and genetic trends for economically important traits in purebred broiler lines.** Advisor: Arione Augusti Boligon. 2025. p 36. Master's Degree Thesis in Sciences – Program in Animal Science. Federal University of Pelotas, Pelotas, 2025.

In breeding programs, the continuous estimation of genetic parameters, as well as the identification of genetic changes during the selection process, are essential for the validation and adjustment of the selection indices used. Thus, the present study was developed with the objective of obtaining estimates of heritability and genetic correlations, as well as genetic gains over the years, for the traits Breast Measurement Index (IMP), body weight at 35 days of age (P35), and total number of eggs produced until 64 weeks of age (NO) in purebred broiler lines (KK, TT, and PP) of Embrapa Swine and Poultry breeding program belonging to the genetic improvement program. The estimated heritability for the growth traits (IMP and P35) showed moderate magnitudes, ranging from 0.41 to 0.50, while for the reproductive trait (NO), the values were low, between 0.29 and 0.31. Genetic and phenotypic correlations between IMP and P35 were positive in the KK and PP lines and negative in the TT line. For the relationship between IMP and NO, the KK and PP lines showed negative correlations, whereas the TT line showed a positive correlation. Between P35 and NO, a possible genetic antagonism was observed in all three lines, with negative genetic correlations. Analyses of additive genetic trends indicated positive and significant increases over the years for all evaluated traits in the three lines. The findings reinforce the effectiveness of the selection process adopted and provide relevant support for future research, especially in the development of more comprehensive selection indexes that integrate multiple traits, aiming to maximize genetic gains in a sustainable manner.

Keywords: correlations; heritability; breast measurement index; number of eggs; body weight.

Lista de Figuras

- Figura 1 Tendências genético-aditivas diretas para Índice da Medida do Peito (IMP, cm²) em três linhas de seleção de frangos de corte (KK, TT e PP)25
- Figura 2 Tendências genético-aditivas diretas para peso aos 35 dias (P35, gramas) em três linhas de seleção de frangos de corte (KK, TT e PP)26
- Figura 3 Tendências genético-aditivas diretas para número de ovos (NO, unidade) em três linhas de seleção de frangos de corte (KK, TT e PP)26

Lista de Tabelas

Tabela 1	Número de observações, de fêmeas, machos e grupos de contemporâneos (GC) e médias e respectivos desvios-padrão (DP) para as características analisadas em três linhas de seleção (KK, TT e PP) de frangos de corte20
Tabela 2	Estimativas <i>a posteriori</i> das variâncias genética aditiva e residual, herdabilidades e intervalos de alta densidade 95% (entre parêntesis) para características mensuradas em três linhas de seleção (KK, TT e PP) de frangos de corte23
Tabela 3	Estimativas <i>a posteriori</i> das correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) e intervalos de alta densidade 95% (entre parêntesis) para características mensuradas em três linhas de seleção (KK, TT e PP) de frangos de corte.....24

Sumário

1	Introdução	9
1.1	Objetivos	11
1.1.1	Objetivo geral	11
1.1.2	Objetivos específicos	12
1.2	Hipóteses	12
1.3	Revisão bibliográfica	12
1.3.1	Panorama atual da avicultura	12
1.3.2	Programas de melhoramento genético	13
1.3.3	Parâmetros genéticos	13
1.3.4	Inferência Bayesiana	15
1.3.5	Programa de melhoramento genético de aves	16
2	Materiais e métodos	17
2.1	Aspectos éticos	17
2.2	Localização, animais e instalações	18
2.3	Características avaliadas	18
2.4	Grupos de contemporâneos e consistência de dados	20
2.5	Análises multicaracterísticas	20
2.6	Tendências genéticas	22
3	Resultados	22
4	Discussões	27
5	Conclusões	31
	Referências	32

1 Introdução

A avicultura tem evoluído significativamente ao longo dos anos, consolidando-se como um dos setores mais eficientes na produção de proteína animal. Esse progresso é resultado de avanços tecnológicos, melhorias no manejo voltadas ao bem-estar animal e, especialmente, do aprimoramento genético. Essas inovações têm permitido não apenas o aumento da produtividade, mas também a redução de custos e impactos ambientais. A carne de frango destaca-se como a proteína animal mais acessível do mercado, amplamente consumida devido à sua versatilidade e à ausência de barreiras religiosas ou culturais. Essa combinação de fatores a posiciona como a proteína animal mais produzida e consumida globalmente, atendendo às demandas de uma população em constante crescimento (FAO, 2022).

Nas últimas décadas, a avicultura mundial apresentou uma evolução notável, impulsionada por avanços integrados em nutrição, sanidade e, sobretudo, melhoramento genético. Este último desempenhou um papel central no progresso da cadeia produtiva, promovendo melhorias significativas em características como qualidade de carcaça, eficiência na conversão alimentar e aumento do peso corporal (Marx *et al.*, 2023). Um estudo realizado em 2003 por Havenstein *et al.* demonstrou que as aves modernas são mais produtivas em comparação às de meio século atrás. Frangos de corte, por exemplo, apresentam aumentos expressivos no ganho de peso vivo e na deposição de músculo peitoral, enquanto galinhas poedeiras passaram a produzir mais ovos por ciclo com maior eficiência alimentar. Esses avanços não apenas ampliaram a oferta de alimentos, mas também reduziram os custos de produção e minimizaram o impacto ambiental da atividade.

No Brasil, a Embrapa desempenha um papel fundamental no desenvolvimento de programas de melhoramento genético voltados para a avicultura. Suas iniciativas baseiam-se em uma abordagem integrada que engloba a avaliação de parâmetros genéticos, como herdabilidade e correlações genéticas, além do uso de ferramentas biotecnológicas, como marcadores moleculares. De acordo com Schmidt *et al.* (2006) e De Resende *et al.* (2008), esses programas têm proporcionado avanços significativos, especialmente no desenvolvimento de linhagens adaptadas às condições de produção nacionais. Tais iniciativas promovem tanto a sustentabilidade quanto a competitividade do setor, atendendo às especificidades climáticas e estruturais do Brasil.

Os indicadores zootécnicos que podem ser otimizados por meio do melhoramento genético são variados e incluem, entre outros, o ganho de peso, a conversão alimentar, a produção de ovos, a resistência a doenças e a qualidade do produto (carne ou ovos). Havenstein *et al.* (2003) demonstraram que frangos de corte modernos alcançam ganhos de peso até quatro vezes superiores aos das linhagens utilizadas na década de 1950, com uma melhor conversão alimentar. Esses atributos são estrategicamente selecionados para atender às demandas do mercado e maximizar a eficiência produtiva. Além disso, o melhoramento genético possibilita a identificação de respostas correlacionadas, permitindo que características secundárias sejam aprimoradas indiretamente, contribuindo para um progresso mais amplo e eficiente.

O ganho de peso em frangos de corte tem sido um dos principais focos do melhoramento genético. Pesquisas indicam que os avanços nessa característica estão associados à seleção de aves com maior capacidade de crescimento muscular em períodos mais curtos. Além disso, segundo Tallentire *et al.* (2016), o melhoramento genético também tem contribuído para a eficiência no uso de nutrientes, permitindo que as aves alcancem pesos comerciais em prazos cada vez menores e com menor impacto ambiental.

Outra característica relevante é o tamanho do peito, uma das partes mais valorizadas comercialmente. Melhorias genéticas têm possibilitado o aumento da proporção de músculo peitoral em relação ao peso corporal total, como demonstrado por Zuidhof *et al.* (2014). Esses avanços resultaram em maior rendimento de carne branca, atendendo às exigências do mercado e aumentando a lucratividade para os produtores. Paralelamente, esses ganhos têm sido acompanhados por esforços para evitar problemas, como miopatias associadas ao rápido crescimento, garantindo tanto a qualidade do produto quanto o bem-estar animal (Petracci e Cavani, 2012).

A produção de ovos por ave é uma característica relevante no contexto do melhoramento genético, especialmente em programas voltados à produção de frangos de corte. Embora o foco principal nesses programas seja o ganho de peso e a eficiência alimentar nas linhas macho, a produção de ovos é critério fundamental nas linhas fêmeas para garantir que sistemas de produção integrados tenham ovos férteis suficientes para a produção dos pintos. No melhoramento genético, aspectos como a taxa de postura, a fertilidade dos ovos e a viabilidade embrionária também são considerados, especialmente em linhagens com dupla aptidão, ou seja, que

contribuem tanto para a produção de carne quanto de ovos. Essas características influenciam diretamente a eficiência reprodutiva e o sucesso na produção de frangos de corte, já que ovos de boa qualidade e alta fertilidade são essenciais para um desempenho reprodutivo satisfatório. Singh *et al.* (2001) e Ledur *et al.* (2011) reportaram que a produção de ovos é uma característica multifatorial, sendo influenciada por fatores genéticos e ambientais.

Melhorias na produção de ovos têm sido alcançadas por meio da seleção de linhagens com maior persistência de postura e melhor eficiência alimentar ao longo do período produtivo (Bain *et al.*, 2016). Esses avanços aumentam a produtividade geral, reduzem custos e maximizam o aproveitamento de recursos, especialmente em sistemas de reprodução comercial. Adicionalmente, o uso de marcadores moleculares tem se mostrado uma ferramenta eficaz na identificação de genes associados à produção de ovos, contribuindo para programas de seleção mais precisos.

Em síntese, o melhoramento genético é uma ferramenta essencial para a modernização da avicultura, promovendo avanços sustentáveis e consolidando o setor como um dos mais dinâmicos e eficientes da agropecuária mundial. Embora a obtenção de parâmetros genéticos, como herdabilidades e correlações, seja fundamental para monitorar o progresso dos programas de melhoramento de aves e garantir a adequação dos critérios de seleção, observa-se uma escassez de estudos recentes sobre o melhoramento das linhagens desenvolvidas pela Embrapa Suínos e Aves. Nesse contexto, o presente estudo se mostra relevante, pois fornece estimativas de parâmetros genéticos que contribuem para o desenvolvimento de índices de seleção mais eficazes no aprimoramento das linhagens analisadas, atendendo à demanda do mercado avícola em relação a indicadores como ganho de peso, tamanho de peito, produção de ovos e suas associações.

1.1 Objetivos

1.1.1 Objetivo geral

Determinar os parâmetros genéticos e avaliar as tendências genéticas das características Índice da Medida do Peito, peso corporal e produção de ovos em linhas puras de frangos de corte desenvolvidas pela Embrapa Suínos e Aves. Os resultados obtidos servirão como base para o desenvolvimento de índices de seleção mais precisos, otimizando o processo seletivo nessas populações.

1.1.2 Objetivos específicos

Avaliar os parâmetros genéticos das características de interesse em linhagens puras de frango de corte, incluindo a obtenção de herdabilidades e correlações genéticas entre as diferentes características analisadas.

Estimar as tendências genéticas das características selecionadas em função da seleção dirigida ao longo dos anos, fornecendo subsídios para a formulação de estratégias de melhoramento genético que maximizem os ganhos desejados.

1.2 Hipóteses

As características produtivas, como o peso aos 35 dias de idade e o Índice da Medida do Peito, apresentam altas herdabilidades, indicando grande potencial de resposta à seleção.

As características reprodutivas, como o número de ovos, possuem herdabilidades mais baixas, o que exige a adoção de estratégias alternativas de seleção.

Apesar de existir antagonismo genético entre as características de crescimento e as reprodutivas, a seleção direcionada pode melhorar ambas as características correlacionadas, otimizando a eficiência produtiva.

1.3 Revisão bibliográfica

1.3.1 Panorama atual da avicultura

A avicultura é um dos pilares da produção de proteína animal no Brasil, consolidando-se como uma das atividades econômicas mais relevantes. Em 2023, o país produziu 14,833 milhões de toneladas de carne de frango e 52 bilhões de unidades de ovos, destacando-se como um dos maiores produtores globais (ABPA, 2024).

Os avanços no melhoramento genético têm desempenhado um papel central na eficiência produtiva do setor. Um estudo da Embrapa Suínos e Aves revelou que o custo do material genético representou aproximadamente 14,7% do custo de produção do frango vivo em 2022 influenciando diretamente componentes como a nutrição, que contribui com 70% dos custos totais (Talamini, 2022). Características como eficiência alimentar e adaptabilidade ao ambiente destacam-se como alvos de programas de melhoramento, possibilitando ganhos econômicos e produtivos.

1.3.2 Programas de melhoramento genético

Os programas de melhoramento genético em aves são desenvolvidos em duas etapas interdependentes. A primeira etapa consiste na seleção dentro das linhas puras, com foco na melhoria de características específicas, como o crescimento, utilizando a variação genética aditiva. Nesse processo, as aves com maior mérito genético para essas características são selecionadas como progenitoras para as gerações futuras. Na segunda etapa, ocorre a produção de híbridos comerciais, obtidos a partir do cruzamento de diferentes linhas puras previamente melhoradas. Essa abordagem visa explorar tanto os efeitos de heterose quanto a complementariedade genética, beneficiando características de menor herdabilidade, como as relacionadas à reprodução, por meio da variação genética não aditiva (Emmerson, 2003; Tixier-Boichard *et al.*, 2012).

De modo geral, para que os programas de melhoramento sejam bem-sucedidos, é essencial que as herdabilidades e relações genéticas entre as características de importância econômica sejam avaliadas com frequência. Além disso, o conhecimento das mudanças genéticas obtidas durante o processo de seleção é fundamental para monitorar o progresso dos programas e adequar os critérios de seleção. Estudos genético-quantitativos também permitem estimar os níveis de endogamia e prevenir possíveis efeitos negativos, como a depressão endogâmica, contribuindo para a manutenção da diversidade genética das populações avaliadas (Narinç *et al.*, 2016; Kaya *et al.*, 2023).

1.3.3 Parâmetros genéticos

A herdabilidade, uma das métricas mais importantes no melhoramento genético, mede a proporção da variância fenotípica atribuível aos efeitos aditivos dos genes (Falconer, 1987). Ela pode ser classificada como baixa quando apresenta valores iguais ou inferiores a 0,20, sendo típica de características reprodutivas, que são mais influenciadas por fatores ambientais. Herdabilidades moderadas, variando entre 0,20 e 0,40, são frequentemente estimadas em características de crescimento, como o ganho de peso. Por outro lado, herdabilidades consideradas altas, com valores superiores a 0,40, são geralmente associadas a atributos relacionados à qualidade da carcaça e musculatura.

Em características de baixa herdabilidade, a variação observada é predominantemente atribuída a diferenças ambientais ou à interação entre os fatores

ambientais e combinações gênicas não aditivas. Nesses casos, a influência de componentes genéticos aditivos na expressão fenotípica é reduzida, resultando em uma correlação limitada entre o valor genético do indivíduo e sua manifestação fenotípica. Por outro lado, valores elevados de herdabilidade indicam que as diferenças genéticas aditivas desempenham um papel significativo na variabilidade da característica. Dessa forma, o fenótipo torna-se um reflexo confiável do mérito genético do indivíduo, possibilitando uma resposta mais eficiente à seleção e maior impacto no progresso genético.

A influência das condições ambientais também desempenha um papel determinante nos valores da herdabilidade. Em populações expostas a variações significativas no ambiente, como em aviários sem controle ambiental, a herdabilidade tende a ser menor devido à maior interferência de fatores externos. No entanto, quando as características são avaliadas em condições controladas, como aviários com ambientes estáveis, os valores de herdabilidade podem ser substancialmente maiores, conforme descrito por Vayego *et al.* (2008) refletindo no impacto da padronização ambiental na redução de fatores externos e na maior expressão do componente genético aditivo.

Em estudos anteriores, foram reportadas herdabilidades variando de 0,23 a 0,53 para o Índice da Medida do Peito em diferentes linhagens de frangos de corte (Vayego *et al.*, 2008; Ragognetti, 2013). Para características de crescimento, como peso corporal mensurado em aves de diferentes idades, foram obtidas herdabilidades variando de 0,35 a 0,53 (Ledur *et al.*, 1994; Argentão *et al.*, 2002; Grosso, 2011). Por outro lado, para a produção de ovos, foram estimadas herdabilidade entre 0,11 e 0,39 (Ledur *et al.*, 1992; Ribeiro, 2010). De modo geral, esses resultados indicam um bom potencial de resposta à seleção para características relacionadas ao crescimento e carcaça, porém uma resposta inferior para características reprodutivas.

As correlações genéticas desempenham um papel fundamental na seleção simultânea de múltiplas características, determinando o impacto da seleção em uma característica sobre outra. Estudos demonstram que a seleção para maior peso corporal e rendimento de carcaça pode influenciar negativamente a eficiência reprodutiva em frangos de corte. Por exemplo, Schmidt e Figueiredo (1998) identificaram que a intensa seleção para maior peso corporal resultou em desbalanços nas características reprodutivas, reduzindo a fertilidade e a viabilidade embrionária. Da mesma forma, Dionello (2007) reportou correlações genéticas variando de -0,23 a

0,30 entre características de crescimento e reprodução, indicando que a seleção para crescimento rápido pode comprometer o desempenho reprodutivo. Além disso, Vayego *et al.* (2014) estimaram correlações genéticas com valores positivos e altos entre o peso aos 42 dias de idade e características do peito, destacando que a seleção para crescimento favorece a musculatura, mas pode impactar negativamente a produção de ovos. Esses achados reforçam o antagonismo genético entre crescimento e reprodução, exigindo abordagens equilibradas no melhoramento genético para otimizar ambas as características de forma sustentável.

Os avanços no melhoramento genético têm transformado significativamente a avicultura, especialmente por meio da exploração da heterose e complementariedade genética em cruzamentos de linhas puras. Emmerson (2003) e Tixier-Boichard *et al.* (2012) detalham como a combinação de linhas puras selecionadas maximiza o desempenho dos híbridos comerciais. Este modelo é amplamente aplicado pela Embrapa Suínos e Aves, que desenvolve linhagens adaptadas às condições brasileiras. Trabalho como o de Ledur *et al.* (2011) evidenciam o sucesso dessas estratégias, destacando o impacto positivo na produtividade, competitividade e sustentabilidade do setor avícola nacional.

1.3.4 Inferência Bayesiana

A estatística Bayesiana tem suas bases no teorema de Thomas Bayes, formulado em 1761. Sua aplicação no melhoramento genético, introduzida por Gianola e Fernando (1986), oferece vantagens significativas em relação às abordagens frequentistas tradicionais. Blasco (2001) destaca que o método Bayesiano permite incorporar informações prévias e as incertezas associadas aos efeitos genéticos, tornando-o ideal para a análise de características com herdabilidades baixas ou moderadas.

Na abordagem Bayesiana, a incerteza acerca dos parâmetros desconhecidos é abordada por meio da distribuição de probabilidade, conforme apresentado por Gianola e Fernando (1986). Em contrapartida, na metodologia frequentista, os parâmetros são tratados como valores fixos, sem a associação a uma distribuição de probabilidade (Blasco, 2001).

A inferência Bayesiana possibilita a incorporação de informações prévias por meio de uma distribuição *a priori*, permitindo uma análise mais flexível e integradora, que considera tanto os dados observados quanto o conhecimento pré-existente para

gerar estimativas e inferências. Essas informações *a priori* podem ser provenientes de hipóteses teóricas ou de estudos anteriores com objetivos similares (De Resende, 2000).

Vale ressaltar que alguns conceitos comumente empregados no melhoramento genético, como a distinção entre efeitos fixos (inclusive os componentes de variância) e aleatórios, não são diretamente considerados na abordagem Bayesiana, uma vez que essa metodologia trata todos os efeitos como aleatórios (Blasco, 2001). Assim, a abordagem Bayesiana modela a incerteza relacionada a todos os efeitos, tanto fixos quanto aleatórios, utilizando distribuições de probabilidade *a priori* e a análise dos dados observados.

1.3.5 Programa de melhoramento genético de aves

A pesquisa e o desenvolvimento da genética animal constituem uma atividade complexa, que abrange desde questões relacionadas à biossegurança até aspectos ligados aos segredos industriais. O uso de uma genética adequada é essencial para impulsionar tanto a produção quanto o processamento das espécies mais relevantes para o fornecimento de proteínas. O avanço na genética animal é uma atividade especializada e de alto risco, que requer investimentos contínuos, tanto para o aprimoramento das linhagens quanto para a manutenção do plantel de matrizes.

No contexto da dependência e vulnerabilidade da avicultura brasileira, a Embrapa Suínos e Aves iniciou um programa de melhoramento genético com o objetivo de desenvolver pacotes comerciais que pudessem ser adotados por empresas nacionais, contribuindo para manter a posição de destaque do Brasil no mercado global. O programa não apenas focou no desenvolvimento de material genético, mas também na capacitação de pessoal e na criação de tecnologias de melhoramento, oferecendo suporte às iniciativas das empresas do setor.

Conforme relatado por Ledur *et al.* (2011), os trabalhos de melhoramento genético na área avícola tiveram início em 1982, com a formação de populações base para aves de corte, por meio de cruzamentos dialéticos entre linhagens comerciais. O principal objetivo era obter um produto comercial capaz de atender às demandas da indústria avícola em qualquer circunstância, garantindo eficiência produtiva e impulsionando as exportações de carne de frango. Esses esforços culminaram na criação das linhagens macho (LL) e fêmea (PP), responsáveis pela produção do frango de corte, que passou a ser conhecido como "Embrapa". Em 1985, o Ministério

da Agricultura transferiu o patrimônio físico e genético da Granja Guanabara para a Embrapa, que assumiu a continuidade do programa de melhoramento, incorporando linhagens como *White Leghorn* (CC e DD) para a produção de ovos brancos e *Rhode Island Red* (MM, SS e GG) para a produção de ovos castanhos. O primeiro desafio foi à erradicação de *Mycoplasma* e *Salmonella*.

Após essa fase inicial, a infraestrutura e o material genético foram transferidos para uma estação experimental em Concórdia, estado de Santa Catarina. Linhagens de controle (sem seleção) foram formadas para avaliar os ganhos genéticos obtidos pelos diferentes processos de seleção. Em 1988, os objetivos do projeto foram revisados, mantendo o foco no desenvolvimento de linhagens para corte e postura, além de intensificar os esforços na formação de recursos humanos e no desenvolvimento de tecnologias, uma vez que empresas nacionais começaram a investir em melhoramento genético. Ao longo dos anos, diversas linhagens e pacotes genéticos foram desenvolvidos para o mercado brasileiro, incluindo poedeiras de ovos brancos e castanhos, frangos de corte convencionais e coloniais. O pacote comercial Embrapa 021, por exemplo, resultou na criação de um frango de corte industrial híbrido, com excelente desempenho em termos de peso, conversão alimentar e rendimento de carcaça.

De modo geral, os projetos de melhoramento genético conduzidos pela Embrapa Suínos e Aves geraram diversos pacotes genéticos que foram fundamentais para o desenvolvimento e a competitividade do setor avícola brasileiro. Desde a década de 1980, a Embrapa tem implementado um programa abrangente de melhoramento genético envolvendo linhas puras, bisavozeiros, avozeiros e matrizeiros, com linhagens desenvolvidas exclusivamente pela empresa. Baseado nos princípios da genética quantitativa, esse programa visa o desenvolvimento de aves para produção de carne e ovos, atendendo tanto pequenos e médios produtores quanto cooperativas, com o objetivo de melhorar a eficiência e a qualidade da produção avícola no Brasil.

2 Material e métodos

2.1 Aspectos éticos

Neste estudo foram utilizadas informações constituintes de um banco de dados já consolidado não havendo, portanto, qualquer implicação a ser apreciada pela

comissão de ética da instituição (Comissão de Ética em Experimentação Animal - CEEA, UFPel).

2.2 Localização, animais e instalações

A população avaliada consistiu em três linhas genéticas de frangos de corte (KK, TT e PP) pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Aves de Corte do Programa de Melhoramento Genético de Aves da Embrapa Suínos e Aves. Esse banco foi estabelecido com o objetivo de manter sob seleção as linhas puras de frangos de corte responsáveis pela criação dos produtos Embrapa 021, além de linhas puras sem seleção (controle) de controle de interesse para pesquisas em genética e melhoramento avícola.

As aves foram criadas sob condições padronizadas de manejo e nutrição e nasceram entre os anos de 2016 e 2023. Ao nascerem no incubatório, os pintos são sexados e recebem uma anilha numerada, e essa informação é registrada na base de dados da Embrapa Suínos e Aves. Esse procedimento permite rastrear o parentesco e a genealogia das aves ao longo das gerações no programa de melhoramento genético. Em cada linha pura de frangos de corte, os pintos machos e fêmeas de cada geração são criados com alimentação adequada, formulada para promover o ganho de peso e o aumento do tamanho do peito, avaliados aos 35 ou 42 dias de idade.

As aves foram alojadas nas granjas da Embrapa Suínos e Aves, localizadas no município de Concórdia, estado de Santa Catarina. Por se tratar de linhas puras, todo o ciclo produtivo foi conduzido nas instalações da Embrapa Suínos e Aves, abrangendo desde a incubação dos ovos até o alojamento na recria e a transferência para o galpão de produção de ovos.

2.3 Características avaliadas

Foram avaliadas em aves vivas as características Índice da Medida do Peito (IMP), peso corporal aos 35 dias de idade (P35) e número de ovos totais (NO). Nas populações estudadas, a obtenção das medidas fenotípicas é realizada da seguinte maneira: para o IMP, os registros morfométricos de comprimento (CP), largura superior (L1) e largura inferior (L2) do peito são obtidos utilizando-se paquímetro digital e a obtenção do IMP se fez pela seguinte equação:

$$\text{IMP} = (\text{CP}/10) * (((\text{L1}/10) + (\text{L2}/10))/2)$$

em que: IMP representa uma estimativa não invasiva de tamanho de peito; CP é o comprimento do peito medido da extremidade cranial (próxima quilha) até a extremidade caudal do osso da quilha; L1 é a largura superior do peito sendo a medida transversal na região mais larga da musculatura peitoral, geralmente próxima à articulação escápulo-coracoide e à base das asas; L2 é a largura inferior do peito sendo a medida transversal na porção inferior do peito, próxima à junção com a cavidade abdominal, onde a musculatura peitoral começa a afunilar. O P35 foi medido individualmente aos 35 dias de idade utilizando-se uma balança digital com precisão de 0,1 grama. Essa informação, combinada com a IMP, foi utilizada para constituir um índice que identificasse as aves mais pesadas e de maior peito que eram selecionadas para recria, com potencial para se tornarem reprodutoras. Nas linhas machos e nas linhas fêmeas os machos selecionados passaram por duas etapas adicionais de avaliação, uma para avaliação da conversão alimentar e outra para avaliação da fertilidade. Somente os machos com melhores conversão alimentar e melhores taxas de fertilidade são finalmente selecionados como reprodutores. As fêmeas selecionadas nessa etapa entravam em recria com manejo de matrizes para avaliação da produção de ovos das 24 às 64 semanas de idade.

No processo de seleção das linhas machos, são priorizadas características como peso corporal, conversão alimentar, viabilidade geral e específica, rendimento de carcaça, rendimento de peito, gordura na carcaça, tipo de empenamento e ausência de defeitos.

Na seleção das linhas fêmeas, a produção de ovos é uma característica importante a ser avaliada, pois causa impacto no custo de produção do frango de corte. Também nas linhas macho essa avaliação é importante para manter o mínimo necessário para reprodução das linhas com seleção. A avaliação da produção de ovos deve ser relacionada com o ganho de peso, conversão alimentar e rendimento de peito da linha macho. O NO foi obtido por coleta manual diária em aves fêmeas das três linhas puras durante o ciclo produtivo desde o início de produção de ovos, normalmente a partir das 24 semanas, até as 64 semanas de vida. As aves avaliadas ficam alojadas em gaiolas individuais e, dessa forma, foi possível fazer o apontamento produtivo de cada indivíduo diariamente.

2.4 Grupos de contemporâneos e consistência de dados

Para as características avaliadas, os grupos de contemporâneos (GC) foram formados pela concatenação das seguintes variáveis: incubação, geração e sexo. Visando à obtenção de estimativas mais acuradas para os parâmetros genéticos e à eliminação de possíveis erros, foram empregadas rotinas de consistência e restrições à inclusão das aves nas análises foram empregadas. Nesse sentido, somente foram incluídos nas análises as aves com medidas fenotípicas dentro do intervalo da média do GC $\pm 3,5$ desvios-padrão e pertencentes à GC com pelo menos três aves. Os arquivos de *pedigree* incluíram 6.715, 15.606 e 8.520 aves das linhagens TT, KK e PP, respectivamente. A descrição dos registros fenotípicos utilizados nas análises pode ser observada na Tabela 1.

Tabela 1 - Número de observações, de fêmeas, machos e grupos de contemporâneos (GC) e médias e respectivos desvios-padrão (DP) para as características analisadas em três linhas de seleção (KK, TT e PP) de frangos de corte

Linhas	Características ¹	Descrição				
		Número de observações	Número de fêmeas	Número de machos	GC	Médias \pm DP
KK	IMP	11.218	5.723	5.495	20	110,09 \pm 19,90
	P35	11.186	5.706	5.480	20	2.415,60 \pm 450,94
	NO	3.753	3.753	-	10	121,42 \pm 30,53
TT	IMP	5.664	2.929	2.735	20	93,76 \pm 14,14
	P35	5.654	2.918	2.736	20	2325,06 \pm 403,46
	NO	1.691	1.691	-	08	125,80 \pm 32,74
PP	IMP	7.091	3.574	3.517	20	79,27 \pm 12,22
	P35	5.841	2.904	2.937	16	2.001,02 \pm 411,51
	NO	2.144	2.144	-	10	160,17 \pm 27,66

¹ IMP: Índice da Medida do Peito (cm²); P35: peso aos 35 dias de idade (gramas); NO: número de ovos totais produzidos até 64 semanas de vida (unidades).

2.5 Análises multicaracterísticas

De modo a determinar as relações entre as características em estudo (IMP, P35 e NO), foram estimados componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações) através de análises multicaracterísticas pelo método

Bayesiano e utilizando um amostrador de *Gibbs*, com o auxílio dos programas da família BLUPF90 (Misztal, 2002).

Assumiu-se distribuição uniforme *a priori* para os efeitos sistemáticos e, para os componentes de (co)variâncias, distribuição *Wishart* invertida. As análises consistiram de cadeias com 800.000 ciclos, sendo descartados os primeiros 200.000 ciclos (*burn-in*), com as amostras sendo retiradas a cada 20 iterações (*thinning interval*). Para determinar a convergência das análises foram realizadas inspeções gráficas (amostras x iteração) e os testes estatísticos de Heldelberger e Welch (Heldelberger; Welch, 1983) utilizando o pacote Coda (Plummer *et al.*, 2006) do programa R (R Core Team, 2025).

O modelo geral utilizado pode ser descrito como:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que y é o vetor de observações; β é o vetor de efeitos sistemáticos (GC); a é o vetor dos valores genético-aditivos diretos de cada animal; e é o vetor de efeitos aleatórios residuais desconhecidos; e X e Z são, respectivamente, as matrizes de incidência que relacionam β e a às observações. O efeito genético-aditivo direto foi assumido como não correlacionado com o efeito residual. Além disso, foi assumido que:

$$y|\beta, a, e \sim NMV(X\beta + Za, R), R = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_1e_3} \\ \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_2}^2 & \sigma_{e_2e_3} \\ \sigma_{e_1e_3} & \sigma_{e_2e_3} & \sigma_{e_3}^2 \end{bmatrix}$$

em que: $\sigma_{e_1}^2$, $\sigma_{e_2}^2$ e $\sigma_{e_3}^2$ são as variâncias residuais para IMP, P35 e NO, respectivamente; $\sigma_{e_1e_2}$, $\sigma_{e_1e_3}$ e $\sigma_{e_2e_3}$ são as covariâncias residuais entre as características de acordo com os subscritos correspondentes.

As pressuposições a respeito das distribuições *a priori* dos parâmetros desconhecidos foram consideradas conforme segue:

$a|\Lambda_a \sim NMV(0, G_d)$, with $G_d = \Lambda_a \otimes A$, onde A é a matriz de parentesco e Λ_a é a matriz de (co)variância para o efeito genético-aditivo direto;

$\Lambda_a | v_a, S_a^2 \sim W^{-1}(v_a, v_a S_a^2)$, $R | v_e, S_e^2 \sim W^{-1}(v_e, v_e S_e^2)$, onde v_a, S_a^2 e v_e, S_e^2 representam o grau de confiança nos valores a priori para as (co)variâncias genético-aditivas diretas e para as (co)variâncias residuais, respectivamente;

$b \propto$ constante;

NMV e W^{-1} referem-se às distribuições Normal Multivariada e Wishart invertida, respectivamente.

Todos os parâmetros alcançaram a fase estacionária da cadeia de Gibbs, indicando que o processo de amostragem foi apropriado. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas foram baseadas nas médias das distribuições marginais posteriores das (co)variâncias.

2.6 Tendências genéticas

As mudanças genéticas ao longo do tempo foram obtidas para todas as características por meio de análises de regressão linear dos valores genéticos (VG) das aves, de acordo com seu ano de nascimento. O teste *t-Student* foi utilizado para examinar a hipótese de que o coeficiente de regressão é igual a zero, empregando-se um nível de significância de 0,05.

3 Resultados

Para as características IMP e P35, foram estimadas herdabilidades de magnitude moderada, com valores semelhantes nas três linhas de frangos de corte avaliadas (KK, TT e PP), variando de 0,41 a 0,45 para IMP e de 0,43 a 0,50 para P35 (Tabela 2). Para a característica NO, embora as herdabilidades apresentem magnitudes menores, os valores também foram similares entre as linhas estudadas, variando de 0,29 a 0,31.

Foram estimadas correlações genéticas positivas entre IMP e P35 nas linhas KK e PP, com valores de 0,276 e 0,432, respectivamente (Tabela 3). Por outro lado, na linha TT a correlação genética obtida entre essas duas características foi negativa e de baixa magnitude (-0,140). As correlações fenotípicas seguiram a mesma tendência observada nas correlações genéticas, com valores positivos nas linhas KK e PP e negativo na linha TT.

Tabela 2 - Estimativas *a posteriori* das variâncias genética aditiva e residual, herdabilidades e intervalos de alta densidade 95% (entre parêntesis) para características mensuradas em três linhas de seleção (KK, TT e PP) de frangos de corte

Linhas	Características ¹	Variâncias		Herdabilidades
		Genética aditiva	Residual	
KK	IMP	27,55 (23,72 a 31,40)	35,76 (33,56 a 38,05)	0,43 (0,39 a 0,48)
	P35	16.384 (13.270 a 19.580)	16.581 (14.830 a 18.320)	0,50 (0,42 a 0,57)
	NO	262,17 (184,30 a 345,70)	641,73 (580,60 a 703,30)	0,29 (0,21 a 0,37)
TT	IMP	16,62 (13,83 a 19,33)	20,18 (18,55 a 21,82)	0,45 (0,39 a 0,51)
	P35	18.273 (14.270 a 22.430)	18.687 (16.450 a 20.980)	0,49 (0,41 a 0,58)
	NO	351,91 (208,20 a 506,30)	779,85 (666,70 a 886,80)	0,31 (0,20 a 0,47)
PP	IMP	13,52 (10,79 a 16,34)	19,40 (17,65 a 21,04)	0,41 (0,34 a 0,48)
	P35	12.366 (9.229 a 15.450)	16.035 (14.280 a 17.860)	0,43 (0,34 a 0,52)
	NO	244,78 (166,10 a 330,50)	525,88 (463,20 a 587,90)	0,32 (0,22 a 0,41)

¹ Índice da Medida do Peito (IMP, cm²), peso aos 35 dias de idade (P35, gramas) e número de ovos totais produzidos até 64 semanas de vida (NO, unidades)

As associações genéticas entre IMP e NO foram negativas e de baixa magnitude para as linhas KK (-0,197) e PP (-0,113), enquanto para a linha TT a correlação foi positiva (0,132) (Tabela 3). Entre as mesmas características, as correlações fenotípicas apresentaram o mesmo sentido das associações genéticas, mas com valores menores, sendo negativas para as linhas KK (-0,059) e PP (-0,110) e positiva para a linha TT (0,038).

Foi observado antagonismo genético entre as características P35 e NO nas três linhagens de seleção estudadas, com correlações genéticas mais intensas sendo estimadas nas linhas KK (-0,365) e TT (-0,407) em comparação com a linha PP (-0,208) (Tabela 3). As correlações fenotípicas também apresentaram valores negativos, sendo de -0,146 (linha KK), -0,116 (linha TT) e -0,100 (linha PP).

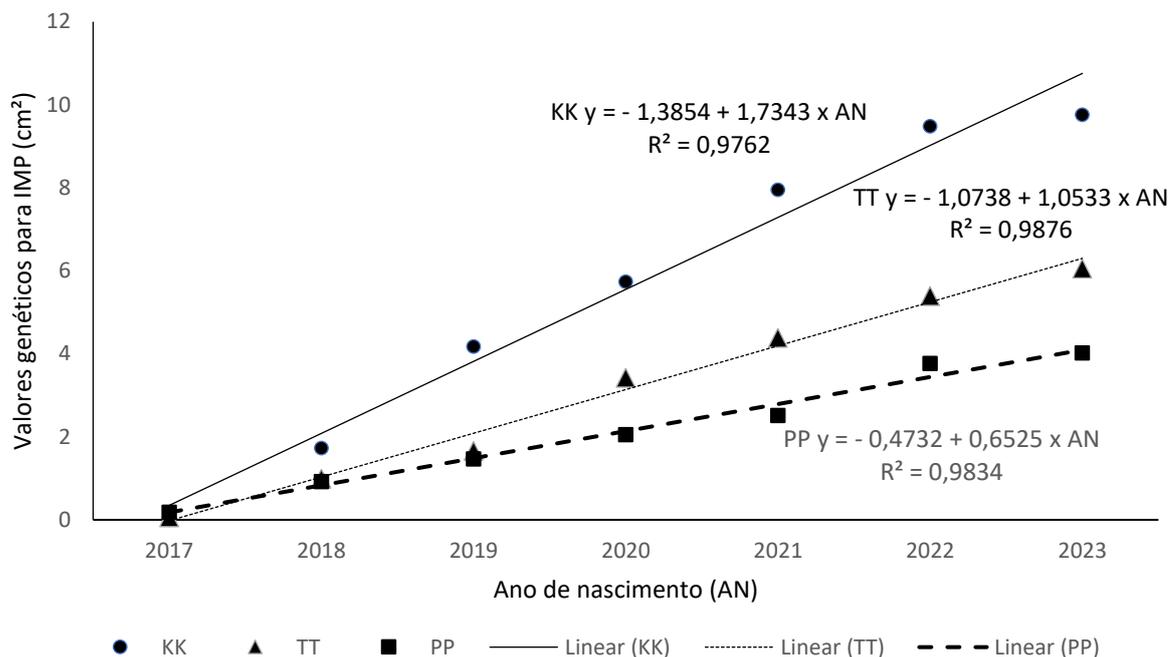
Tabela 3 - Estimativas *a posteriori* das correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) e intervalos de alta densidade 95% (entre parêntesis) para características mensuradas em três linhas de seleção (KK, TT e PP) de frangos de corte

Características	Linha KK		
	IMP	P35	NO
IMP	-	0,276 (0,168 a 0,382)	-0,197 (-0,343 a -0,042)
P35	0,213 (0,170 a 0,258)	-	-0,365 (-0,528 a -0,197)
NO	-0,059 (-0,103 a -0,015)	-0,146 (-0,199 a -0,092)	-
Características ¹	Linha TT		
	IMP	P35	NO
IMP	-	-0,140 (-0,276 a 0,001)	0,132 (-0,070 a 0,327)
P35	-0,056 (-0,119 a 0,005)	-	-0,407 (-0,624 a -0,201)
NO	0,038 (-0,018 a 0,095)	-0,116 (-0,190 a 0,043)	-
Características ¹	Linha PP		
	IMP	P35	NO
IMP	-	0,432 (0,301 a 0,559)	-0,113 (-0,317 a 0,077)
P35	0,455 (0,419 a 0,492)	-	-0,208 (-0,420 a 0,007)
NO	-0,110 (-0,127 a -0,001)	-0,100 (-0,175 a -0,021)	-

¹ Índice da Medida do Peito (IMP, cm²), peso aos 35 dias de idade (P35, gramas) e número de ovos totais produzidos até 64 semanas de vida (NO, unidades)

As tendências genético-aditivas diretas estimadas mostraram um incremento estatisticamente significativo para todas as características e linhas estudadas ao longo dos sete anos avaliados (Figuras 1, 2 e 3). Observou-se um ganho genético na direção desejável para a característica IMP, com valores de 1,7343, 1,0533 e 0,6525 cm² por ano nas linhas KK, TT e PP, respectivamente. Os coeficientes de determinação (R²) obtido nas análises apresentaram valores acima de 0,97 nas três linhas de seleção, indicando um alto grau de ajuste do modelo e uma forte associação entre a variável preditora e a resposta observada.

Figura 1 – Tendências genético-aditivas diretas para Índice da Medida do Peito (IMP, cm²) em três linhas de seleção de frangos de corte (KK, TT e PP)



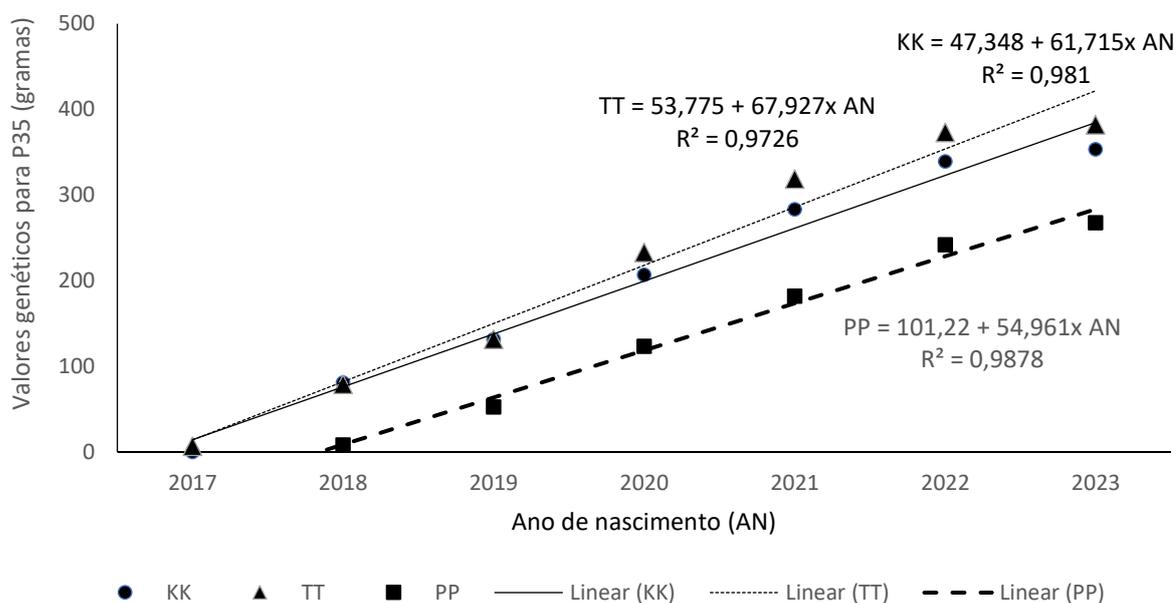
Nota: Os coeficientes de regressão foram significativamente diferentes de zero ($P < 0,05$) com base no teste *t-Student*.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Para a característica P35, foram observados incrementos anuais de 61,715, 67,927 e 54,961 gramas para as linhas KK, TT e PP, respectivamente (Figura 2). Portanto, a linha TT apresentou a maior taxa de ganho genético anual, seguida pela linha KK e, por fim, pela linha PP, que teve a menor mudança genética em magnitude.

Diferentemente do observado nas tendências genético-aditivas diretas para as características IMP e P35, os maiores ganhos genéticos anuais para NO foram obtidos na linha PP (0,855 unidades), em comparação com as linhas KK (0,5624 unidades) e TT (0,3354 unidades) (Figura 3).

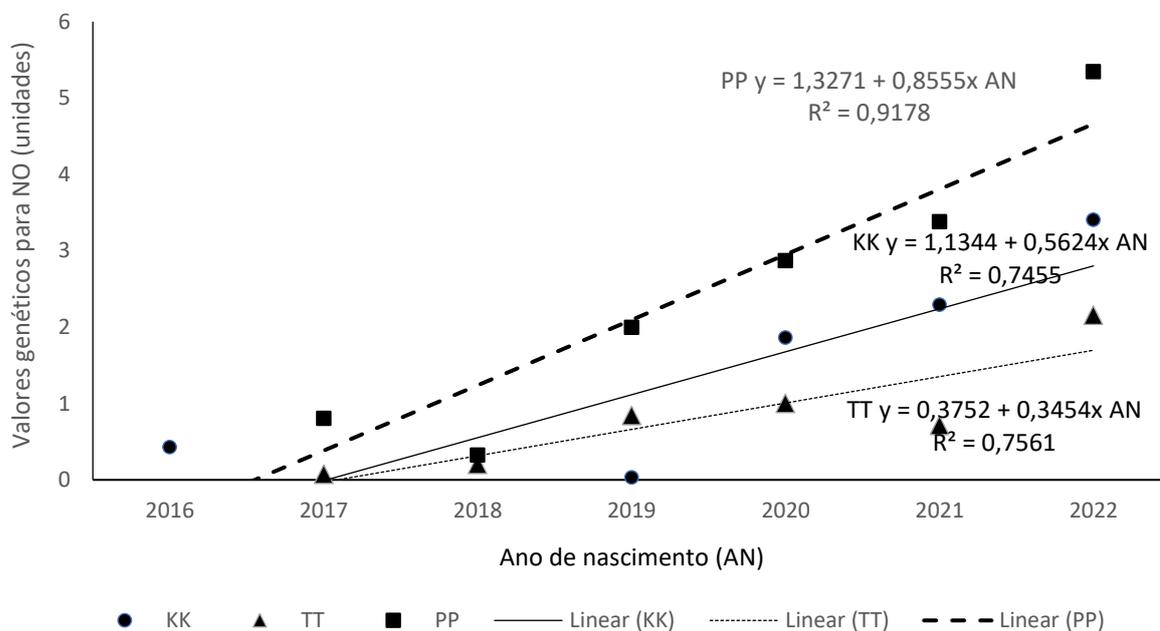
Figura 2 – Tendências genético-aditivas diretas para peso aos 35 dias (P35, gramas) em três linhas de seleção de frangos de corte (KK, TT e PP)



Nota: Os coeficientes de regressão foram significativamente diferentes de zero ($P < 0,05$) com base no teste *t-Student*.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 3 – Tendências genético-aditivas diretas para número de ovos (NO, unidades) em três linhas de seleção de frangos de corte (KK, TT e PP)



Nota: Os coeficientes de regressão foram significativamente diferentes de zero ($P < 0,05$) com base no teste *t-Student*.

Fonte: Elaborado pelo autor.

4 Discussões

Apesar da maior variabilidade genética para a característica IMP ter sido estimada na linha KK, herdabilidade de magnitude levemente inferior foi obtida nessa linha em comparação com a linha TT devido à variância residual de maior magnitude também observada na linha KK (Tabela 2). De modo geral, os valores de herdabilidade estimados para IMP indicam que a característica é influenciada pelo efeito aditivo dos genes, com elevada possibilidade de resposta à seleção nas três linhas estudadas.

As herdabilidades moderadas estimadas para a IMP nas três linhas de seleção estudadas assemelham-se aos valores reportados na literatura para diferentes populações de frangos de corte. Ledur et al. (1992) relatam herdabilidades de IMP variando entre 0,40 e 0,46 em linhas da Embrapa. Vayego et al. (2008) reportaram herdabilidades para características morfométricas do peito na faixa de 0,33 a 0,53, dependendo da linhagem e do método de estimação utilizado. Em outro estudo, Szinvelski et al. (2011) estimaram herdabilidades de 0,29 a 0,53 para medidas de peito em frangos da Embrapa, valores que estão próximos aos encontrados no presente estudo. Gaya (2013) utilizando a técnica de ultrassom *in vivo* para medir o músculo peitoral encontrou estimativas de herdabilidade variando de 0,29 a 0,51 e demonstrou que é uma ferramenta viável para a seleção indireta de frangos com maior peso de peito, sem impactar negativamente a composição corporal, o que também foi observado em nosso estudo. Entretanto, é importante monitorar a relação entre aumento da musculatura peitoral e possíveis efeitos colaterais, como o desenvolvimento de miopatias associadas ao crescimento acelerado (Petracci e Cavani, 2012).

No presente estudo, as linhas KK e TT, apresentaram herdabilidades e variâncias parecidas além de seus intervalos para o P35, enquanto a linha PP, apresentou herdabilidade e variâncias inferiores, porém ainda moderadas a altas. Essa diferença sugere uma diferenciação na forma de seleção e a utilização dessas linhas no programa de melhoramento genético. Essas herdabilidades se mostraram semelhantes com as apresentadas por Schmidt *et al.* (1992), onde os autores relataram herdabilidades para peso corporal aos 42 dias de idade variando entre 0,35 e 0,50, dependendo da linhagem e do ambiente de criação. Em um estudo com diferentes linhagens de frangos, os autores observaram herdabilidades para peso variando entre 0,36 e 0,53, (Ledur *et al.*, 1992) reforçando a tendência de que valores nesta faixa permitem progressos genéticos substanciais ao longo das gerações.

Resultados semelhantes foram obtidos por Argentão *et al.* (2002) e Grosso (2011), que encontraram herdabilidades entre 0,35 e 0,52 para peso corporal em diferentes idades.

Outro fator a ser considerado é a influência do ambiente na herdabilidade do peso corporal. Estudos demonstram que a variabilidade ambiental pode reduzir a herdabilidade estimada, especialmente em condições de manejo menos controladas (Vayego *et al.*, 2008; Narinc *et al.*, 2016). Isso reforça a importância da padronização ambiental em programas de melhoramento genético, garantindo que a expressão do potencial genético dos indivíduos não seja mascarada por variações externas.

No presente estudo encontramos baixa herdabilidade na característica NO, indo ao encontro com resultados de estudos anteriores, que indicam que características reprodutivas tendem a ser mais influenciadas por fatores ambientais e não aditivos (Schmidt *et al.*, 1998; Singh *et al.*, 2001). Schmidt e Figueiredo (1998) e Cruz *et al.* (2016) reportaram herdabilidades entre 0,11 e 0,39, 0,12 e 0,41, respectivamente, para produção de ovos em linhas puras de frangos de corte, destacando a dificuldade de melhorar essa característica por seleção tradicional. Estudos com linhagens poedeiras apontam herdabilidades ligeiramente mais altas, variando entre 0,25 e 0,34 (Ledur *et al.*, 1994; Ribeiro, 2010), o que pode ser explicado pela maior estabilização genética dessas populações ao longo das gerações.

A relação positiva entre a Índice da Medida do Peito e o peso aos 35 dias, observada nas linhagens KK e PP, corrobora achados prévios que indicam a possibilidade de melhora simultânea dessas características por meio da seleção genética (Venturini *et al.*, 2014; Zuidhof *et al.*, 2014). Estudo realizado em 1992, encontrou correlações genéticas na faixa de 0,25 a 0,50 entre peso corporal e rendimento de peito, sugerindo que a seleção para ganho de peso pode ter impactos positivos no rendimento de carcaça (Schmidt *et al.*, 1992). No presente estudo, essa correlação foi positiva e significativa para as linhas KK e PP, indicando que a seleção para maior peso pode resultar em melhor aproveitamento de carne branca. Além disso, os achados de Le Bihan-Duval *et al.* (2001) reforçam essa relação ao demonstrar que a seleção para crescimento rápido tem impacto direto sobre o rendimento de peito, sendo possível melhorar ambas as características simultaneamente sem aumentar excessivamente a deposição de gordura.

Estudos como os de Lorentz *et al.* (2011) e Erensoy *et al.* (2020) mostraram que a morfologia corporal pode influenciar a expressão dessa correlação,

evidenciando que certas medidas morfométricas, como comprimento da quilha e profundidade do peito, estão fortemente associadas ao rendimento de carne branca. Entretanto, a correlação negativa entre IMP e P35 na linha TT sugere uma variação genética entre as linhagens, o que pode ser resultado de diferenças no histórico de seleção ou de interações genéticas específicas. Resultados semelhantes foram relatados por Petracci e Cavani (2012), que destacaram que, apesar da seleção para maior rendimento de peito, algumas linhagens podem apresentar efeitos negativos na composição corporal. Esse fenômeno pode ser explicado pelas descobertas de Le Bihan-Duval e Mignon-Grasteau (1998), que indicaram que a seleção para crescimento acelerado pode levar a alterações na distribuição de gordura e na qualidade da carne, impactando negativamente certas linhagens.

As correlações genéticas entre IMP e NO apresentaram variação entre as linhagens, sendo negativas para KK e PP e positivas para TT. Essa variabilidade pode ser explicada por diferenças nos objetivos de seleção ao longo das gerações, bem como por interações genéticas específicas dentro de cada linhagem. Estudos como os de Momen *et al.* (2017) e Chomchuen *et al.* (2022) demonstram que a correlação entre características de crescimento e reprodução pode ser influenciada por fatores genéticos e ambientais, resultando em variações entre linhagens adaptadas a diferentes sistemas produtivos. Além disso, Zerehdaran *et al.* (2004) e Venturini *et al.* (2014) demonstraram que diferentes linhagens podem responder de maneira única à seleção genética, sugerindo que o histórico genético e os critérios de seleção aplicados devem ser adaptados a cada população específica.

A correlação negativa observada nas linhagens KK e PP reforça a hipótese de que a seleção para maior rendimento de carne branca pode impactar negativamente a capacidade reprodutiva, possivelmente devido a desbalanços metabólicos ou a efeitos pleiotrópicos (Schmidt *et al.*, 2006; Ledur *et al.*, 2011). Resultados semelhantes foram encontrados por Wolanski *et al.* (2007), onde os autores identificaram uma relação inversa entre o crescimento muscular e a produção de ovos em linhagens de frangos de corte. Além disso, Prince *et al.* (2020) apontam que certas linhagens podem apresentar limitações reprodutivas em função da seleção intensa para crescimento rápido e maior rendimento de peito. Por outro lado, a correlação positiva na linha TT sugere que, em determinadas condições genéticas, é possível otimizar ambas as características simultaneamente, como evidenciado por Erensoy *et al.* (2020), que

observaram que a estrutura corporal pode favorecer tanto a produção de carne quanto a reprodução em linhagens selecionadas para múltiplas características.

O antagonismo genético entre crescimento e reprodução foi evidente neste estudo, com correlações genéticas negativas entre P35 e NO em todas as linhagens. Esse resultado confirma a dificuldade de selecionar simultaneamente para características produtivas e reprodutivas, conforme reportado por Dana e Vander Waaij (2011) e Niknafs e Nejati-Javaremi (2012). Estudos prévios indicam que a seleção intensiva para crescimento pode resultar em efeitos colaterais na reprodução, como menor persistência na postura e redução da fertilidade (Du Plessis e Erasmus, 1972; Schreiweis *et al.*, 2006). Ashour *et al.* (2015) e Chomchuen *et al.* (2022) indicam, entretanto, que programas de melhoramento que consideram múltiplas características podem ajudar a mitigar os efeitos negativos da seleção exclusiva para crescimento.

As tendências genéticas estimadas indicam um progresso significativo para as características analisadas. O aumento anual observado para IMP, P35 e NO confirma a eficácia do programa de melhoramento genético conduzido. Alguns trabalhos destacam a necessidade de incluir ferramentas genômicas na avaliação genética, aumentando a precisão da seleção e permitindo o desenvolvimento de estratégias mais equilibradas (De Resende *et al.*, 2008; Tallentire *et al.*, 2016). Estudos como o de Manjula *et al.* (2017) e Liu *et al.* (2025) também relataram tendências positivas em peso corporal e rendimento de carne em diferentes linhagens de frangos. Contudo, a seleção intensiva para crescimento pode comprometer a reprodução, o que é evidenciado pela estabilização ao longo das gerações.

Dessa forma, a continuidade da seleção em linhas puras, aliada à aplicação de metodologias avançadas, como índices de seleção balanceados, pode maximizar os ganhos produtivos sem comprometer a reprodução. Além disso, estudos adicionais são necessários para avaliar o impacto de diferentes sistemas de manejo e nutrição na expressão das características analisadas, garantindo um progresso genético sustentável para a avicultura.

Nossos resultados estão alinhados com estudos como o de Emmerson (2003), que destaca o impacto significativo da seleção genética em características específicas como ganho de peso e rendimento de carcaça em frangos de corte. Além disso, Ledur *et al.* (2011) destacam a importância de programas voltados para adaptação local, o que reforça a relevância das linhagens analisadas no presente estudo.

Os resultados deste trabalho podem servir como base para o desenvolvimento de índices de seleção específicos para cada linha, definindo as melhores ponderações para múltiplas características simultaneamente, de acordo com os objetivos a serem alcançados em cada linha de seleção estudada. Dessa forma, será possível maximizar os ganhos genéticos para características de produção de forma sustentável e minimizar possíveis impactos adversos na reprodução. Este é um tema relevante a ser explorado em pesquisas futuras.

5 Conclusões

As características Índice da Medida do Peito, peso aos 35 dias de idade e número de ovos totais apresentam variabilidade genética nas linhas de seleção estudadas e devem responder à seleção genética.

As correlações genéticas estimadas entre as características estudadas indicam que a seleção de animais para crescimento rápido deve melhorar o índice de peito nas linhas KK e PP, favorecendo a obtenção de resposta correlacionada favorável. Por outro lado, esse tipo de seleção deve reduzir o desempenho das aves para o índice de peito na linha TT após algumas gerações.

A seleção de aves com base em seu potencial genético para um maior número de ovos totais reduzirá simultaneamente o peso corporal em todas as linhas estudadas. Além disso, pode levar a uma pequena redução no índice de peito nas linhas KK e PP, e a um leve aumento na linha TT.

Mudanças genéticas anuais significativas foram obtidas para todas as características estudadas, mas com magnitudes diferentes em cada linha de seleção, sendo obtidos maiores ganhos genéticos para o índice de medida do peito na linha KK, para o peso aos 35 dias de idade na linha TT e para o número de ovos totais na linha PP. Portanto, a linha PP apresenta a melhor composição genética para reprodução, enquanto as linhas KK e TT são direcionadas para crescimento.

Referências

ABPA – Associação Brasileira de Proteína Animal. **Relatório Anual 2024**. São Paulo: ABPA, p. 56-73, 2024.

ARGENTÃO, C.; MICHELAN FILHO, T.; MARQUES, J.; SOUZA, E.; ELER, J.; FERRAZ, J. Genetic and phenotypic parameters of growth and carcass traits of a male line of broilers raised in tropical conditions. **Congress on genetics applied to livestock production**, p. 333-336, 2002.

ASHOUR, A. F.; BADWI, Y. K.; EL-KARIM, A. Effect of selection for body weight on egg production, egg quality, fertility and hatchability traits in El-salam chicken strain in Egypt. **Journal of Advanced Research in Poultry Science**, v. 5, p. 1-10, 2015.

BAIN, M. M.; NYS, Y.; DUNN, I. C. Increasing persistency in lay and stabilising egg quality in longer laying cycles. What are the challenges? **British Poultry Science**, v. 57, n. 3, p. 330-338, 2016.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v. 79, n. 8, p. 2023–2046, 1 ago. 2001.

CHOMCHUEN, K.; TUNTIYASAWASDIKUL, V.; CHANKITISAKUL, V. Genetic evaluation of body weights and egg production traits using a multi-trait animal model and selection index in Thai native synthetic chickens (Kaimook e-san2). **Animals**, v. 12, n. 3, p. 335, 2022.

CRUZ, V. A. R. *et al.* Seleção para a produção de ovos em períodos parciais e acumulados em linhagem de frango de corte comercial. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 68, n. 2, p. 489–496, 2016.

DANA, N.; VANDER WAAIJ, E. H. Genetic and phenotypic parameter estimates for body weights and egg production in Horro chicken of Ethiopia. **Tropical Animal Health and Production**, v. 43, n. 1, p. 21-28, 2011.

DE RESENDE, M. D. V. Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes, Colombo, **Embrapa Florestas**, 68p. Documentos 46, 2000.

DE RESENDE, M. D. V.; LOPES, P. S.; SILVA, R. L.; PIRES, I. E. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 56, p. 63-77, 2008.

DIONELLO, N. J. L. Uso de modelos mistos na avaliação genética de linhagens de matrizes de frango de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 5, p. 1149-1155, 2007.

DU PLESSIS, P. H. C.; ERASMUS, J. The relationship between egg production, egg weight and body weight in laying hens. **World's Poultry Science Journal**, v. 28, n. 1, p. 10-15, 1972.

EMMERSON, D. Breeding objectives and selection strategies for broiler production. **Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology**. CAB International, UK. p.113-126, 2003.

ERENSOY, K.; NOUBANDIGUIM, M.; CILAVDAROGLU, E. Correlations between breast yield and morphometric traits in broiler pure lines. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v. 22, p. 1-7, 2020.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 279p. Universidade Federal de Viçosa/MG, 1987.

FAO. Alimentação e Agricultura Mundial – **Anuário Estatístico 2022**. 2022.

GAYA, L. Genetic variability in ultrasound records of breast muscle in a broiler breeding program. **Natural Science**, 5, 1-4, 2013.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian Methods in Animal Breeding Theory. **Journal of Animal Science**, v. 63, n. 1, p. 217–244, 1986.

GROSSO, J.L.B.M. Proposição de índices de seleção em frangos de corte. 2011. 94 f. **Tese (Doutorado)** – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.

KAPPELL D.N.R.G., W.G. HILL, A.-M. NEETESON, J. MCADAM, A.N.M. KOERHUIS, S. AVENDAÑO, Genetic parameters of foot-pad dermatitis and body weight in purebred broiler lines in two contrasting environments, **Poultry Science**, Volume 91, Issue 3, p. 565-574, 2012.

KAYA BAŞAR, E.; NARINÇ, D. Genetic Parameter Estimates of Growth Curve and Feed Efficiency Traits in Japanese Quail. **Animals**, v. 13, n. 11, p. 1765, 2023.

HAVENSTEIN, G. B., P. R. FERKET, AND M. A. QURESHI. Growth, livability, and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. **Poultry Science** 92:1500–1508, 2003.

HELDELBERGER, P., WELCH, P.. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144. 1983.

LE BIHAN-DUVAL, E.; MIGNON-GRASTEAU, S. Genetic analysis of a selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight. **British Poultry Science**, v. 39, n. 4, p. 390-394, 1998.

LE BIHAN-DUVAL, E.; BERRI, C.; BAÉZA, E.; MILLET, N. 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, n. 8, p. 839-843, 2001.

LEDUR, M. C.; SCHMIDT, 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**, v. 21, n. 4, p. 667–673, 1992.

LEDUR, M. C.; SCHMIDT, G. S.; AVILA, V. S.; FIGUEIREDO, E. A. P.; FIORENTIN, L. Parâmetros genéticos e fenotípicos em linhagens de aves selecionadas para corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 3, p. 503–508, 1994.

LEDUR, M. C.; NONES, K., ALVES, H., BERTANI, G. A importância do conhecimento do genoma para a produção de aves. fev. 2004.

LEDUR, M. C.; FIGUEIREDO, E. A. P. de; SCHMIDT, G. S.; AVILA, V. S. de; PEIXOTO, J. de. Cap. 11 - O melhoramento genético de aves no Brasil e as contribuições da Embrapa Suínos e Aves. **O. Sonho, desafio e tecnologia: 35 anos de contribuições da Embrapa Suínos e Aves**. Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, p. 293-316. 2011.

LORENTZ, L. H.; GAYA, L. G.; LUNEDO, R.; FERRAZ, J. B. S. Production and body composition traits of broilers in relation to breast weight evaluated by path analysis. **Scientia Agricola**, v. 68, n. 3, p. 293-300, 2011.

MARX, F. O.; ALVAREZ, M. V. N.; BASSI, L. S.; FÉLIX, A. P.; KRABBE, E. L.; OLIVEIRA, S. G.; MAIORKA, A. Use of statistical models to determine the optimal concentration of metabolizable energy for growth performance of broiler chickens. **Livestock Science**, v. 274, p. 105268, 2023.

MISZTAL, S., TSURUTA, S., STRABEL, T., AUVRAY, B., DRUET, T., LEE, D.H. Blupf90 and related programs (BGF90). In: **Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**. Montpellier, France. 28. p.743-744, 2002.

MOMEN, M.; MEHRGARDI, A. A.; SHEIKHY, A. A predictive assessment of genetic correlations between traits in chickens using markers. **Genetics Selection Evolution**, v. 49, n. 9, p. 1-13, 2017.

NARINÇ, D.; AKSOY, T.; KAPLAN, S. Effects of multi-trait selection on phenotypic and genetic changes in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). **Journal of Poultry Science**, v. 53, n. 2, p. 103–110, 25 abr. 2016.

NIKNAFS, S., NEJATI-JAVAREMI, A., MEHRABANI-YEGANEH, H. *ET AL*. Estimation of genetic parameters for body weight and egg production traits in Mazandaran native chicken. **Trop Anim Health Prod** 44, 1437–1443, 2012.

PETRACCI, M.; CAVANI, C. Muscle growth and poultry meat quality issues. **Poultry Science**, v. 91, n. 5, p. 1138-1146, 2012.

PLUMMER, M.; BEST, N.; COWLES, K. AND VINES, K.. Coda: Convergence diagnosis and output analysis for mcmc. **R News**, v.6, n.1, p.7-11. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/doc/Rnews/>>. 2006.

PRINCE, L. L. L.; RAJARAVINDRA, K. S.; RAJKUMAR, U. Genetic analysis of growth and egg production traits in synthetic colored broiler female line using animal model. **Tropical Animal Health and Production**, v. 52, n. 6, p. 2895-2902, 2020.

R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. **R Foundation for Statistical Computing**. Vienna, Austria, 2025. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>.

RAGOGNETTI, B. N. N. Variabilidade genética e identificação de QTLs de tibia e peso corporal em *Gallus gallus*. 2013. v, 49 p. **Tese (doutorado)** - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013.

RIBEIRO, J. C. Estudo genético de períodos parciais de produção de ovos em codornas de corte. **Dissertação: Mestrado**, Universidade Federal de Viçosa, Julho, 2010.

SCHMIDT, G. S.; COSTA, C. N.; LEDUR, M. C. Herdabilidade do peso aos 42 dias de linhagens de aves para corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 21, p. 772–778, 1992.

SCHMIDT, G. S.; FIGUEIREDO, E. A. P. Efeito da seleção quanto ao peso corporal nas características reprodutivas em linhagens de frangos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 7, p. 1081-1089, 1998.

SCHMIDT, G. S.; FIGUEIREDO, E. A. P.; LEDUR, M. C. Genetic gain for body weight, feed conversion and carcass traits in selected broiler strains. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v.8, p.29-32, 2006.

SCHREIWEIS, M. A.; HESTER, P. Y.; SETTAR, P. Identification of quantitative trait loci associated with egg quality, egg production, and body weight in an F2 resource population of chickens. **Animal Genetics**, v. 37, n. 1, p. 106-112, 2006.

SINGH, S.; CHHIKARA, B. S.; DALAL, D. S. Estimation of genetic and phenotypic parameters of economic traits of White Leghorn. **Indian Journal of Poultry Science**, v. 36, p. 163-168, 2001.

SZINVELSKI, R. G.; VAYEGO, S. A.; DIONELLO, N. J. L.; FIGUEIREDO, E. A. P.; DE CLEMENTE, H. C.; STOCCO, A. O. Parâmetros genéticos para características de produção em linhagem macho de matrizes de frango de corte: Herdabilidades e correlações. **PUBVET**, v. 5, n. 182, 2011.

TALAMINI, D. J. D. Contribuições do melhoramento genético à avicultura de corte do Brasil. Conferência FACTA – Anais, p. 15-21, 2022.

TALLENTIRE, C. W.; LEINONEN, I.; KYRIAZAKIS, I. Breeding for efficiency in the broiler chicken: A review. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 36, n. 4, p. 66, 2016.

TIXIER-BOICHARD, M.; LEENSTRA, F.; FLOCK, D.K; HOCKING, P.M.; WEIGEND, S. A century of poultry genetics. **World's Poultry Science Journal**, v. 68, n. 2, p. 307–321, 1 jun. 2012.

VAYEGO, S. A.; DIONELLO, N. J. L.; FIGUEIREDO, E. A. Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37(7), p. 1230–1235. 2008.

VAYEGO, S. A.; DIONELLO, N. J. L.; *et al.* Seleção direta e indireta e de índices de seleção em linhagens de frango de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 43, n. 8, p. 405-412, 2014.

VENTURINI, G. C., DA CRUZ, V.A. R., ROSA, J.O., BALDI, F., EL FARO, L., MUNARI, D. P., *ET AL.* Genetic and phenotypic parameters of carcass and organ traits of broiler chickens. **Genetics and Molecular Research**, p. 10294-10300, 2014.

WOLANSKI, N. J.; RENEMA, R. A.; ROBINSON, F. E.; CARNEY, V. L. Relationships among egg characteristics, chick measurements, and early growth traits in ten broiler breeder strains. **Poultry Science**, v. 86, n. 1, p. 178-184, 2007.

ZUIDHOF, M. J.; SCHNEIDER, B. L.; CARNEY, V. L.; KORVER, D. R.; ROBINSON, B. W. Growth, efficiency, and yield of commercial broilers from 1957, 1978, and 2005. **Poultry Science**, v. 93, n. 12, p. 2970–2982, 2014.