

Desempenho e Predição de Híbridos e Análise de Agrupamento de Características de Matrizes de Frangos de Corte

Valéria Maria Nascimento Abreu², Martinho de Almeida e Silva³, Cosme Damião Cruz⁴,
Élsio Antônio Pereira de Figueiredo⁵, Paulo Giovanni de Abreu⁶

RESUMO - Este trabalho foi conduzido com cruzamentos (dialelo parcial) entre as linhas do grupo I (LL, TL, ZL, TT, LT, ZT, ZZ, LZ e TZ) e as linhas do grupo II (PP, KP, VP, KK, PK, VK, VV, PV e KV), além de duas linhas (LLc e PPc) controle. O delineamento experimental foi em blocos casualizados consistindo de três blocos, 82 cruzamentos e nove fêmeas por cruzamento. As características de produção, no total de onze, foram: fertilidade na 32^a, 38^a, 42^a e 49^a semanas, eclodibilidade na 32^a semana, peso inicial dos pintinhos, peso no 42^o dia, conversão no 42^o dia, rendimento de carcaça, peito e gordura abdominal no 42^o dia de idade dos frangos. As médias e predição dos híbridos mostraram ser fonte importante de informações para o melhorista. Existe similaridade entre os cruzamentos oriundos da utilização da linha 1, como progenitor.

Palavras-chave: análise de agrupamento, desempenho, híbridos, matrizes de frango de corte, predição

Performance and Prediction and Clustering Analyses of Characteristics of Parental Broiler Lines of Production Traits

ABSTRACT - This study was conducted using data from single crosses (partial diallel) of male lines, group I (LL, TL, ZL, TT, LT, ZT, ZZ, LZ, TL), female lines, group II (PP, KP, VP, KK, PK, VK, VV, PV, KV), besides two control lines (LLc and PPc). A completely randomized block design, with three replicates, 82 single crosses treatments with nine females for experimental unit was used in the analyses. The production traits analyzed, eleven total, were: fertility at 32nd, 38th, 42nd and 49th weeks of age, hatchability at 32nd, body weight at day of age, body weight and feed:gain ratio at 42nd days of age, and carcass yield, breast yield and fast pad yield at 42nd day of age. The averages and prediction of the hybrid ones showed to be important source of information. Similarity exists among the crossings originating from of the use of the line 1, as progenitor.

Key Words: clustering analyses, broiler parental lines, hybrids, performance, prediction

Introdução

O estudo do desempenho de híbridos por meio da média de características permite avaliar a possibilidade de uso per se dos híbridos avaliados, considerando para isto, fundamentalmente, a média fenotípica e o grau de complementariedade genética de seus progenitores, expressos pelos efeitos da capacidade específica de combinação. Ao se selecionarem progenitores para compor programa de cruzamentos, aproveitando as informações providas pela capacidade específica de combinação, inicialmente devem-se observar dentro dos progenitores os que apresentam maior média e, depois, os de maior capacidade geral de combinação.

De acordo com Cruz & Regazzi (1994), a predição de híbridos, sejam duplos, triplos ou múltiplos, tem sido de grande utilidade, sendo oriunda das informações originadas pelos cruzamentos em dialelos parciais.

O híbrido triplo é o resultado do cruzamento entre o híbrido simples e uma terceira linhagem. Na situação mais freqüente, o híbrido simples é obtido com as linhagens de um mesmo grupo e o triplo do cruzamento desse híbrido simples com uma linhagem de outro grupo.

O híbrido duplo é o resultado do cruzamento entre dois híbridos simples. Geralmente, os híbridos simples são obtidos do cruzamento entre linhagens de determinado grupo, e o híbrido duplo, do cruzamento entre híbridos simples de grupos distintos.

¹ Parte do trabalho de tese de D.S. do primeiro autor, financiada pela CAPES/UFV/EMBRAPA.

² Pesquisadora EMBRAPA/CNPQ, bolsista da CAPES. Embrapa Suínos e Aves, CP. 21. Concórdia – SC. CEP. 89700-000. E-mail: valeria@cnpq.embrapa.br

³ Professor da Universidade Federal de Minas Gerais.

⁴ Professor da Universidade Federal de Viçosa.

⁵ Pesquisador EMBRAPA/CNPQ, bolsista do CNPq. E-mail: elsio@cnpq.embrapa.br

⁶ Pesquisador EMBRAPA/CNPQ. E-mail: pabreu@cnpq.embrapa.br

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os progenitores (ou qualquer outro tipo de unidade amostral) em vários grupos, de tal forma que existam homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Alternativamente, as técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo, ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade. O processo de agrupamento envolve, basicamente, duas etapas, a primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os progenitores e a segunda, com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (Cruz & Regazzi, 1994).

Segundo Freitas (1996), a estimação das medidas de dissimilaridade consiste na conversão da matriz de observações $n \times p$ (sendo n o número de indivíduos ou progenitores e p o de variáveis), em uma matriz quadrada e simétrica, $n \times n$, de similaridade individuais, que são medidas da distância entre pares de indivíduos, dado o valor de um conjunto de p variáveis. Na interseção da i -ésima linha e k -ésima coluna dessa matriz, coloca-se a distância entre o i -ésimo e o k -ésimo indivíduo. A alta similaridade (pequena distância) indica que os indivíduos são próximos em relação ao conjunto de variáveis, enquanto que a dissimilaridade (grande distância) indica o contrário.

Nos estudos da divergência genética destinados à identificação de progenitores para hibridação, têm sido de uso mais rotineiro a distância euclidiana média ou a distância generalizada de Mahalanobis, sendo essa última a preferida, entretanto, possível de ser estimada apenas quando se dispõe da matriz de covariâncias residuais estimada a partir de ensaios experimentais com repetições (Cruz & Regazzi, 1994).

Segundo Cruz (1990), a distância euclidiana, ou o seu quadrado, é bastante utilizada quando as unidades para cálculo são escores de componentes principais ou de variáveis canônicas. Quando é estimada a partir de variáveis originais, apresenta a inconveniência de ser influenciada, além do número e da escala, pelas correlações entre aquelas variáveis. Para contornar a influência do número de variáveis sobre as estimativas da distância euclidiana, recomenda-se a utilização da distância euclidiana média; problemas inerentes à escala são contornados pela padronização prévia das variáveis em estudo. Assim, o maior inconveniente é mesmo a pressuposição da independência entre variáveis. Entretanto, Arunachalam (1981) argumenta que, nos estudos sobre divergência genética, vários caracteres com graus

significativos de correlação são avaliados, desaconselhando a quantificação da divergência pela distância euclidiana e citando, como maneira alternativa para avaliar a divergência, a estatística D^2 de Mahalanobis, que leva em consideração as correlações entre características analisadas por meio da matriz de covariâncias residuais entre variáveis.

A distância generalizada de Mahalanobis considera a variabilidade de cada unidade experimental e não somente a medida de tendência amostral, sendo recomendada para dados provenientes de delineamentos e quando as características são correlacionadas. Considera, também, a correlação entre as características analisadas por meio da matriz de dispersão dessas. Quando as correlações entre as características são nulas e as características padronizadas, a estatística D^2 é equivalente à distância euclidiana (Cruz, 1990).

Segundo Cruz & Regazzi (1994), quando se dispõe de várias características, o valor de D^2 pode ser, alternativamente, estimado a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais, ou a partir de dados transformados. Na transformação dos dados, equivalente ao processo de rotação de eixos, são obtidas combinações lineares das características originais, cujos coeficientes de ponderação são derivados de um processo denominado condensação pivotal. A condensação pivotal é aplicada na matriz de dispersão e evita a inversão de matrizes, que, quando de ordem elevada, proporciona grandes erros numéricos. Com isso, torna os cálculos mais simples (Rao, 1952). Com o avanço dos computadores, já é possível a inversão dessas matrizes sem a necessidade da condensação pivotal. E quando se aplica a condensação pivotal, nas variáveis originais, são estimadas as médias das variáveis transformadas que têm variâncias residuais unitárias e covariâncias residuais nulas, que são variáveis não-correlacionadas, permitindo-se, assim, a estimação de D^2 de maneira análoga ao quadrado da distância euclidiana.

A segunda etapa do processo de agrupamento consiste na escolha de um método de agrupamento. Dentre os métodos de agrupamento, os mais utilizados, em estudos de divergência genética, são os hierárquicos e os de otimização, sendo que o método de otimização apresentado por Tocher vem sendo extensivamente usado nesses estudos (Piassi, 1994).

Segundo Cruz & Regazzi (1994), no método de Tocher, adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. O

método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de progenitores mais similar. Esses progenitores formarão o grupo inicial e, a partir daí, será avaliada a possibilidade de inclusão de novos progenitores, adotando-se o critério anteriormente citado. A entrada de um progenitor em um grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. Assim, pode-se tomar a decisão de incluir o progenitor em um grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido, que pode ser estabelecido arbitrariamente, ou adotar, como tem sido geralmente feito, o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado das menores distâncias envolvendo cada progenitor.

Este trabalho teve como objetivo obter resultados de desempenho e predição de híbridos resultantes do cruzamento entre linhagens de matrizes de frango de corte, bem como estudar a diversidade de genética, por meio da análise de agrupamento, destes cruzamentos.

Material e Métodos

Os dados foram provenientes de experimento realizado no Setor de Melhoramento Genético de Aves (SMGA) do Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves (CNPISA), da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), em Concórdia, Santa Catarina, de janeiro de 1994 a dezembro de 1995.

Os pintos de um dia de idade deste experimento foram obtidos de cruzamentos (dialelo parcial) entre as linhas do grupo I (LL, TL, ZL, TT, LT, ZT, ZZ, LZ e TZ) e as linhas do grupo II (PP, KP, VP, KK, PK, VK, VV, PV e KV), além de duas linhas (LLc e PPc) controle.

A codificação das linhagens foi feita da seguinte maneira:

Linhas	
Grupo I	Grupo II
1 = LL	1 = PP
2 = TL	2 = KP
3 = ZL	3 = VP
4 = TT	4 = KK
5 = LT	5 = PK
6 = ZT	6 = VK
7 = ZZ	7 = VV
8 = LZ	8 = PV
9 = TZ	9 = KV
0 = LLc	0 = PPc

• Cruzamentos

11 = LLPP	21 = TLPP	31 = ZLPP	41 = TTPP	51 = LTPP
12 = LLKP	22 = TLKP	32 = ZLKP	42 = TTKP	52 = LTKP
13 = LLVP	23 = TLVP	33 = ZLVP	43 = TTVP	53 = LTVP
14 = LLKK	24 = TLKK	34 = ZLKK	44 = TTKK	54 = LTKK
15 = LLPK	25 = TLPK	35 = ZLPK	45 = TTPK	55 = LTPK
16 = LLVK	26 = TLVK	36 = ZLVK	46 = TTVK	56 = LTVK
17 = LLVV	27 = TLVV	37 = ZLVV	47 = TTVV	57 = LTVV
18 = LLPV	28 = TLPV	38 = ZLPV	48 = TTPV	58 = LTPV
19 = LLKV	29 = TLKV	39 = ZLKV	49 = TTKV	59 = LTKV
61 = ZTPP	71 = ZZPP	81 = LZPP	91 = TZPP	
62 = ZTKP	72 = ZZKP	82 = LZKP	92 = TZKP	
63 = ZTVP	73 = ZZVP	83 = LZVP	93 = TZVP	
64 = ZTKK	74 = ZZKK	84 = LZKK	94 = TZKK	
65 = ZTPK	75 = ZZPK	85 = LZPK	95 = TZPK	
66 = ZTVK	76 = ZZVK	86 = LZVK	96 = TZVK	
67 = ZTVV	77 = ZZVV	87 = LZVV	97 = TZVV	
68 = ZTPV	78 = ZZPV	88 = LZPV	98 = TZPV	
69 = ZTKV	79 = ZZKV	89 = LZKV	99 = TZKV	

00 = LLcPPc (Controle)

As fêmeas foram alojadas em gaiolas individuais perfazendo um total de 2.214 fêmeas. Os machos foram alojados em 60 gaiolas individuais, com piso ripado, para coleta de sêmen, destinado à fertilização posterior, via inseminação artificial, em delineamento experimental em blocos casualizados, consistindo de três blocos, 82 cruzamentos e nove fêmeas por cruzamento.

A inseminação artificial foi efetuada com 0,05 mL de um "pool" de sêmen fresco, não diluído, uma vez por semana, diretamente na vagina da galinha (2 cm de profundidade), com seringa graduada, conforme procedimento padrão utilizado no CNPISA.

Os ovos foram coletados diariamente e armazenados, a 12°C, por sete dias antes da incubação semanal normal para a venda de pintos, com a identificação da galinha, do tratamento e da data de postura. Todos os ovos foram submetidos à ovoscopia aos 19 dias de incubação.

As 11 características de produção estudadas, na análise de agrupamento e estudo do desempenho dos híbridos foram: fertilidade na 42^a (FERT42); 49^a (FERT49); 32^a (FERT32) e 38^a (FERT38); eclodibilidade na 32^a (ECLO32); peso inicial do pintinho (PI); peso dos frangos no 42^o dia de idade (P42); conversão alimentar dos frangos no 42^o dia de idade (CA); rendimento de carcaça dos frangos no

42º dia de idade (RCAR); rendimento de peito dos frangos no 42º dia de idade (RPEIT); rendimento de gordura abdominal dos frangos no 42º dia de idade (RGA).

Para a predição de híbridos foram utilizadas apenas as características: fertilidade na 38ª (FERT38); peso dos frangos no 42º dia de idade (P42) e rendimento de carcaça dos frangos no 42º dia de idade (RCAR).

As análises foram realizadas utilizando-se o programa Genes (Cruz, 1997).

Este trabalho foi desenvolvido seguindo as etapas descritas:

a) Avaliação das médias

Este estudo foi feito levando-se em consideração as médias dos cruzamentos;

b) Predição de híbridos triplos e duplos

Um dos processos de predição baseia-se na expressão geral, de acordo com Cruz & Regazzi (1994):

$$M = [X] [Y]$$

em que: M = média a ser predita; [X] = contribuição dos progenitores para o conjunto gênico que é repassado pelos gametas masculinos; [Y] = contribuição dos progenitores para o conjunto gênico que é repassado pelos gametas femininos.

c) Análise multivariada

A análise de agrupamento foi feita, adotando-se a distância euclidiana média como medida de dissimilaridade, sobre a qual empregou-se o método de agrupamento de otimização de Tocher.

c1) Medida de dissimilaridade

A distância euclidiana média foi utilizada para contornar a influência do número de caracteres e, para contornar o problema da escala dos dados, foi feita padronização dos dados da seguinte maneira:

$$x_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)}$$

em que: X_{ij} é a observação no progenitor i ($i = 1, 2, \dots, p$), em referência ao caráter j ($j = 1, 2, \dots, n$); $S(X_j)$ é o desvio-padrão dos dados do caráter j .

Então, a distância euclidiana média entre dois progenitores i e i' foi dada por:

$$d_{i i'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2}$$

em que: $d_{i i'}$ é distância euclidiana média baseada em dados padronizados; n é o número de caracteres analisados.

c2) Método de otimização de Tocher

Um dos métodos de agrupamento mais indicados para estudar o grau de semelhança existente entre genótipos é o método de otimização de Tocher, que é utilizado na formação dos conjuntos de genótipos com maior semelhança entre si (Piassi, 1994).

Para o agrupamento segundo o método de Tocher, foi adotado o critério do maior entre os mínimos, ou seja, o acréscimo médio na distância intracluster (intragrupo), pela inclusão de um novo cruzamento a um dado cluster (grupo), deveria ser menor ou igual ao limite adotado. Estabeleceu-se que esse limite seria o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrada no conjunto composto pelas menores distâncias de cada cruzamento a qualquer outro, na matriz de distâncias original. O acréscimo médio no valor da distância intragrupo foi calculado, dividindo-se a distância entre o cruzamento a ser inserido e o grupo que poderia recebê-lo pelo número de cruzamentos do grupo.

A matriz de dissimilaridade adotada foi a de distância euclidiana média, na qual se identificou, inicialmente, o par de cruzamentos que apresentava o menor valor de distância, para formar o primeiro grupo, quando essa distância não superava o limite estabelecido. Na seqüência, de acordo com o critério adotado, avaliou-se a possibilidade de inclusão de outros cruzamentos no grupo ou se haveria necessidade de formação de outros grupos, seguindo o mesmo critério.

Esquemáticamente, mostra-se o critério para formação do agrupamento:

$$d_{(ij)k}^2 = d_{ik}^2 + d_{jk}^2 \text{ ou } d_{(ij)l}^2 = d_{ij}^2 + d_{kl}^2;$$

então, $se \frac{d^2(\text{Grupo})i}{n} \leq \alpha \Rightarrow$ inclui - se o cruzamento i no grupo ;

ou $se \frac{d^2(\text{Grupo})j}{n} > \alpha \Rightarrow$ não inclui - se o cruzamento i no grupo

em que: α = limite de acréscimo adotado; j, k, l = cruzamentos do grupo; i = cruzamento a ser incluído, ou não, no grupo; n = número de cruzamentos do grupo que poderá receber i .

Resultados e Discussão

Na Tabela 1, estão apresentadas as médias das características em estudo, de acordo com os cruzamentos, incluindo-se, também, os valores do cruzamento testemunha.

A média é uma variável importante, pois, ao se

Tabela 1 - Médias das características produtivas, de acordo com os cruzamentos
 Table 1 - Averages of the characteristics, in agreement with the crosses

Cruzamentos <i>Crosses</i>	Médias <i>Averages</i>										
	FERT42 <i>FERT42</i>	FERT49 <i>FERT49</i>	FERT32 <i>FERT32</i>	FERT38 <i>FERT38</i>	ECLO32 <i>HATC32</i>	PI <i>WI</i>	P42 <i>W42</i>	CA <i>F/G</i>	RCAR <i>YCAR</i>	RPEIT <i>YBRE</i>	RG <i>YAF</i>
11	88,89	100,00	90,77	91,67	86,15	45	1820	2,0595	0,67149	0,19467	0,022771
12	100,00	83,33	90,77	97,92	78,46	45	2118	1,9528	0,70986	0,19703	0,023842
13	100,00	100,00	90,77	95,83	87,69	44	1882	1,9784	0,69501	0,19636	0,025898
14	92,86	100,00	89,23	91,67	86,15	45	2064	1,9682	0,72716	0,19925	0,026335
15	94,44	93,75	95,38	93,75	84,61	44	2071	1,8157	0,72588	0,20422	0,027890
16	70,00	93,33	92,31	81,25	89,23	46	1979	1,9185	0,69743	0,19601	0,025872
17	92,31	94,12	92,31	89,58	83,08	46	1787	2,0734	0,70605	0,17472	0,023418
18	88,23	93,75	90,77	93,75	86,15	47	2003	1,9478	0,69725	0,18372	0,028438
19	89,47	100,00	93,85	93,75	86,15	45	1984	1,9957	0,72042	0,20260	0,021787
21	80,00	100,00	93,85	89,58	81,54	45	1837	1,9510	0,71742	0,20069	0,01792
22	100,00	92,31	92,31	93,75	84,61	45	2006	2,0262	0,70569	0,20751	0,021878
23	83,33	90,91	96,92	91,67	90,77	46	1801	2,0196	0,71734	0,21171	0,017364
24	75,00	92,86	93,85	89,58	86,15	43	2119	1,9867	0,72945	0,20434	0,023813
25	69,23	87,50	92,31	89,58	83,08	47	1969	1,9774	0,71847	0,20865	0,024001
26	89,47	91,67	87,69	81,25	75,38	47	1867	1,9773	0,69910	0,18608	0,027556
27	100,00	88,89	86,15	95,83	75,38	47	2034	1,8666	0,72932	0,21115	0,020156
28	86,36	92,31	90,77	87,50	87,69	45	1912	2,0590	0,70547	0,18672	0,021176
29	94,74	100,00	87,69	91,67	83,08	46	1925	2,0276	0,72947	0,20359	0,035342
31	78,57	92,31	92,31	97,92	86,15	47	1936	1,8613	0,72145	0,18947	0,032582
32	88,23	100,00	90,77	81,25	84,61	46	2080	1,9308	0,71476	0,19475	0,018246
33	56,25	91,67	89,23	93,75	81,54	45	1963	1,9327	0,69297	0,19444	0,018258
34	88,23	91,67	95,39	89,58	84,61	45	2035	1,9200	0,71328	0,20818	0,018395
35	89,47	100,00	86,15	91,67	76,92	47	1884	2,0186	0,71152	0,19781	0,019100
36	87,50	83,33	92,31	93,75	86,15	48	1952	1,8832	0,72323	0,17776	0,041254
37	83,33	95,45	92,31	91,67	86,15	46	1929	2,0432	0,72489	0,19906	0,022857
38	92,31	100,00	92,31	97,92	86,15	46	1878	1,8913	0,69648	0,20066	0,013912
39	83,33	76,92	87,69	95,83	80,00	47	2031	1,8863	0,72087	0,20969	0,024927
41	86,67	100,00	93,85	91,67	86,15	42	2001	1,9204	0,71509	0,20291	0,018609
42	100,00	92,31	89,23	93,62	81,54	45	2147	1,9294	0,75395	0,21319	0,025675
43	100,00	86,67	86,15	95,35	76,92	44	2026	1,9346	0,72926	0,21758	0,024902
44	81,82	100,00	92,31	85,71	87,69	45	2252	1,7813	0,73140	0,21379	0,023571
45	85,71	100,00	93,85	91,30	86,15	46	1975	1,9022	0,70744	0,21549	0,019794
46	100,00	91,67	86,15	91,67	80,00	47	1970	1,9423	0,60397	0,17882	0,014605
47	83,33	83,33	96,92	83,33	87,69	46	2029	1,9668	0,71438	0,19237	0,029083
48	77,78	100,00	88,89	91,67	82,54	46	2071	1,8799	0,71354	0,21138	0,016782
49	92,85	100,00	95,38	80,85	84,61	46	2065	1,8631	0,73528	0,20517	0,026050
51	92,86	90,00	90,77	89,58	80,00	44	1970	1,8753	0,72372	0,19659	0,024588
52	86,36	71,49	90,77	89,58	75,38	46	2081	1,8792	0,73174	0,21704	0,018988
53	69,23	100,00	92,19	83,33	79,69	45	1937	1,9380	0,71916	0,19626	0,019434
54	73,33	88,23	92,31	83,33	81,54	45	2377	1,8750	0,71707	0,20423	0,020874
55	100,00	76,92	96,92	91,67	83,08	46	2012	1,9573	0,72384	0,20407	0,028660
56	92,31	87,50	96,92	89,58	89,23	46	1957	1,9902	0,70349	0,19634	0,017396
57	70,83	93,75	90,62	95,83	82,81	44	1898	1,9488	0,71331	0,21330	0,021666

Continua na próxima página...

Continuação da Tabela 1...

Tabela 1 - Médias das características produtivas, de acordo com os cruzamentos

Table 1 - Averages of the characteristics, in agreement with the crosses

Cruzamentos <i>Crosses</i>	Médias <i>Averages</i>										
	FERT42 <i>FERT42</i>	FERT49 <i>FERT49</i>	FERT32 <i>FERT32</i>	FERT38 <i>FERT38</i>	ECLO32 <i>HATC32</i>	PI <i>WI</i>	P42 <i>W42</i>	CA <i>F/G</i>	RCAR <i>YCAR</i>	RPEIT <i>YBRE</i>	RGA <i>YAF</i>
58	77,78	94,44	93,85	83,33	80,00	46	1870	1,9455	0,72298	0,20720	0,029903
59	100,00	100,00	95,38	93,75	89,23	47	2049	2,0501	0,73217	0,21041	0,028198
61	85,00	100,00	90,77	89,58	83,08	44	1993	1,8915	0,72539	0,21130	0,019243
62	93,33	94,74	98,46	87,50	89,23	45	2033	1,8384	0,70235	0,20980	0,018051
63	76,19	87,50	93,85	92,45	80,00	44	2014	1,9216	0,72559	0,18983	0,021235
64	63,64	90,00	90,77	81,25	80,00	44	2158	1,8062	0,71882	0,21903	0,017968
65	75,00	76,92	92,31	89,58	84,61	46	1924	1,8909	0,70068	0,21541	0,013728
66	71,43	100,00	95,38	93,75	84,61	46	1973	1,8951	0,70395	0,20178	0,016613
67	66,67	83,33	80,00	81,25	75,38	46	1788	1,9371	0,78171	0,21281	0,045094
68	68,75	83,33	69,23	85,42	61,54	45	1952	1,9478	0,71170	0,19726	0,025307
69	86,67	92,31	93,85	82,69	84,61	45	2044	1,9862	0,70973	0,20885	0,019925
71	89,47	100,00	95,38	91,67	87,69	43	1918	1,9039	0,70911	0,20704	0,021534
72	93,75	80,00	84,61	95,83	70,77	46	2049	1,9528	0,73768	0,21372	0,024740
73	88,89	88,23	95,38	93,88	84,61	45	1971	1,9782	0,61030	0,17969	0,016272
74	80,00	83,33	92,31	77,08	84,61	45	2076	1,8568	0,73318	0,21145	0,020966
75	89,47	76,47	95,38	95,83	83,08	46	1934	1,9505	0,72434	0,18998	0,025438
76	73,68	83,33	87,69	83,33	80,00	47	1910	1,9133	0,70774	0,20516	0,020934
77	58,33	85,71	96,92	89,79	92,31	46	2014	1,7288	0,72699	0,20544	0,027943
78	86,96	100,00	90,77	97,92	81,54	48	2082	1,8536	0,74520	0,19566	0,032809
79	84,00	100,00	93,85	89,58	90,77	47	1870	1,9751	0,70799	0,22479	0,013991
81	85,71	80,00	90,77	58,33	83,08	45	1997	1,9464	0,73632	0,19313	0,023563
82	89,47	81,82	93,85	81,13	87,69	45	2092	1,9170	0,71664	0,20055	0,019705
83	76,47	91,67	84,61	72,92	75,38	47	1942	2,0315	0,72888	0,19517	0,021543
84	83,33	66,67	89,23	64,58	86,15	44	2013	1,8688	0,72931	0,20347	0,020790
85	88,89	83,33	87,69	77,08	78,46	46	2061	1,9082	0,70718	0,20159	0,022306
86	78,26	87,50	90,77	53,19	80,00	47	1964	1,9522	0,70263	0,20125	0,015434
87	94,12	80,00	96,92	62,50	87,69	45	1988	1,8280	0,72000	0,20132	0,014801
88	78,57	92,31	89,23	79,17	84,61	47	1960	2,0093	0,71999	0,19248	0,027803
89	73,33	81,25	96,92	72,92	86,15	46	2066	1,9328	0,74251	0,21415	0,021019
91	73,33	100,00	95,38	87,50	86,15	46	1925	1,9266	0,71264	0,20036	0,025776
92	84,61	92,86	95,39	87,50	87,69	46	2114	1,9232	0,73990	0,22057	0,022288
93	92,86	92,31	92,31	85,71	84,61	45	1860	1,9509	0,71972	0,18717	0,027806
94	90,00	83,33	90,77	85,42	80,00	44	2009	1,9943	0,74800	0,20305	0,021715
95	92,86	92,31	89,23	95,83	80,00	43	2048	1,8811	0,72242	0,21532	0,018493
96	84,21	78,95	78,46	79,17	70,77	46	1964	1,9254	0,71505	0,21365	0,015511
97	88,89	100,00	95,38	85,42	92,31	47	1953	1,9717	0,72107	0,20585	0,025622
98	100,00	100,00	96,92	89,58	90,77	45	1812	1,8702	0,70602	0,18518	0,020139
99	85,71	91,67	90,77	85,42	86,15	47	1811	2,0859	0,72602	0,20500	0,018179
00	95,00	100,00	93,85	95,83	86,15	43	1543	2,0677	0,68891	0,17512	0,026542

selecionarem progenitores para compor programa de cruzamentos, aproveitando as informações providas pela capacidade específica de combinação, inicialmente devem-se observar dentro dos progenitores os que apresentam maior média e depois os de maior capacidade geral de combinação.

Segundo Costa (1994), são padrões de produtividade de uma boa matriz:

- peso médio, às 66 semanas, da fêmea: 3.900g
- ovos produzidos/ave alojada: 184,5
- eclosão média: 85,55%
- fertilidade: 90%

De acordo com Torres (1996), a carcaça ideal nas aves deve ser bem musculosa, livre de defeitos e com alta produção de carne. Carcaças com maior produção de carne estão associadas com menores custos de processamento e de comercialização. Frangos com menos deposição de gordura têm mostrado pequena superioridade na produção de carcaça.

Ainda segundo o mesmo autor, boa produção de ovos com alta fertilidade e eclodibilidade é importante em todos os níveis de produção de frangos de corte. Nas linhas puras, estas características permitem intensidade de seleção ótima; em avós e matrizes, permitem menor custo de ovos e de pintos.

Pelos resultados apresentados, nota-se que as características de fertilidade e eclodibilidade estão dentro do esperado, excetuando-se um ou outro cruzamento que apresentou baixas fertilidade e eclodibilidade, assim como alguns valores de 100% para fertilidade, que não condizem com a realidade, mas que podem ter surgido por problemas na amostragem. Para as características do frango de corte, em geral, os resultados dos cruzamentos são melhores quando comparados com o cruzamento controle, mostrando a superioridade dos híbridos.

O híbrido de maior valor da característica P42 é o que envolve as linhas 5, do grupo I, e 4' do grupo II. Estas linhas também haviam sido selecionadas pela maior capacidade geral de combinação em trabalho anterior. Tanto para a característica P42, como para as características RCAR e FERT38, os

20 melhores híbridos envolvem cruzamentos que contêm as linhas selecionadas, em trabalho anterior pela capacidade geral de combinação, no grupo I e II.

Dos 648 híbridos triplos possíveis, ou seja $pq(p + q - 2)/2$ híbridos apresentam-se, neste trabalho, os 20 melhores (Tabelas 2 e 3), para as características FERT38, P42 e RCAR.

O híbrido de maior valor da característica P42 é o que envolve as linhas 5, do grupo I, e 4' do grupo II. Estas linhas também haviam sido selecionadas pela maior capacidade geral de combinação em trabalho anterior. Tanto para a característica P42, como para as características RCAR e FERT38, os 20 melhores híbridos envolvem cruzamentos que contêm as linhas selecionadas, em trabalho anterior pela capacidade geral de combinação, nos grupos I e II.

Dos 1.296 híbridos duplos possíveis neste estudo, ou seja, dos $pq(p - 1)(q - 1)/4$ híbridos, são apresentados somente os 40 melhores (Tabela 4).

Também para estes híbridos, os 40 melhores híbridos duplos são compostos por cruzamentos que envolvem as linhagens anteriormente selecionadas pela capacidade geral de combinação. Estes resultados mostram que a predição de híbridos oriunda de informações dos dialelos parciais é mais uma fonte importante de informação para o melhorista.

Na análise de agrupamento, estes agrupamentos foram feitos usando-se como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média. O maior entre os mínimos estabelecido pelo limite de distância - Método de Tocher - foi de 0,912 ($\alpha = 0,912$). Dessa forma, foram formados vinte e nove grupos de cruzamentos (Tabela 5), sendo que os cruzamentos foram distribuídos uniformemente dentro dos grupos, não existindo grupos com grandes concentrações de cruzamentos. Os grupos 2 e 1 foram os que apresentaram maior número de cruzamentos (7 e 6, respectivamente). O grupo 1 mostra a similaridade entre os cruzamentos obtidos pelo uso da linha 1 (linha macho) como progenitor, o que não é verificado para mais nenhum grupo.

Tabela 2 - Predição dos 20 melhores híbridos triplos para as características FERT38, P42 e RCAR (grupo I × grupo II)
 Table 2 - Prediction of the 20 better hybrid triples for the characteristics FERT38, W42 and WCAR (group I × group II)

Grupo I × Grupo II Group I × Group II					
FERT38 FERT 38		P42 W42		RCAR YCAR	
Cruzamento Crosses	Valor Value	Cruzamento Crosses	Valor Value	Cruzamento Crosses	Valor Value
3×7-8'	97,9169	4×5-4'	2,3145	2x6-7'	0,7555
1×7-2'	96,8750	5×6-4'	2,2675	6x7-7'	0,7543
1×7-8'	95,8335	2×5-4'	2,2480	3x6-7'	0,7533
1×3-8'	95,8335	5×7-4'	2,2265	6x9-7'	0,7514
1×2-2'	95,8334	1x5-4'	2,2205	6x8-7'	0,7508
7×9-5'	95,8330	5x8-4'	2,1950	7x6-7'	0,7480
2×5-7'	95,8330	2x4-4'	2,1855	5x6-1'	0,7475
1×4-2'	95,7669	4x7-4'	2,1640	4x9-2'	0,7469
1×4-3'	95,5910	1x4-4'	2,1580	4x7-2'	0,7458
1×7-3'	94,8554	4x4-4'	2,1435	1x6-7'	0,7439
3×4-1'	94,7919	2x6-4'	2,1385	4x5-2'	0,7428
3×4-8'	94,7919	4x8-4'	2,1325	7x9-4'	0,7406
3×7-1'	94,7919	1x4-2'	2,1325	4x8-9'	0,7389
4×7-8'	94,7919	4x9-2'	2,1305	7x9-2'	0,7388
1×3-1'	94,7919	4x9-4'	2,1305	2x9-4'	0,7387
1×3-3'	94,7915	4x8-2'	2,1195	8x9-4'	0,7387
1×7-5'	94,7915	6x7-4'	2,1170	1x9-4'	0,7376
1×9-5'	94,7915	1x9-2'	2,1160	5x8-9'	0,7373
2×7-2'	94,7915	4x5-2'	2,1140	2x8-9'	0,7360
3×5-9'	94,7915	3x4-2'	2,1135	5x9-2'	0,7358

Tabela 3 - Predição dos 20 melhores híbridos triplos para as características FERT38, P42 e RCAR (grupo I × grupo II)
 Table 3 - Prediction of the 20 better hybrid triples for the characteristics FERT38, W42 and WCAR (group I × group II)

Grupo I × Grupo II Group I × Group II					
FERT38 FERT 38		P42 W42		RCAR YCAR	
Cruzamento Crosses	Valor Value	Cruzamento Crosses	Valor Value	Cruzamento Crosses	Valor Value
1'x8'-3	97,6169	2'x4'-5	2,2290	3'x7'-6	0,7536
1'x9'-3	96,8750	4'x9'-5	2,2130	1'x7'-6	0,7535
2'x3'-1	96,8750	2'x4'-4	2,1995	4'x7'-6	0,7503
2'x8'-7	96,8750	4'x5'-5	2,1945	7'x8'-6	0,7467
5'x8'-7	96,8750	1'x4'-5	2,1735	2'x9'-4	0,7446
8'x9'-3	96,8750	4'x6'-5	2,1670	2'x4'-9	0,7439
3'x8'-7	95,8974	4'x8'-4	2,1615	6'x7'-6	0,7428
2'x5'-1	95,8334	4'x9'-4	2,1585	2'x4'-4	0,7427
2'x9'-1	95,8334	3'x4'-5	2,1570	2'x7'-6	0,7420
3'x8'-3	95,8334	4'x7'-4	2,1405	2'x3'-4	0,7416
6'x8'-3	95,8334	3'x4'-4	2,1390	2'x7'-6	0,7420
1'x3'-3	95,8334	4'x7'-5	2,1375	5'x7'-6	0,7412
1'x6'-3	95,8334	1'x4'-4	2,1265	1'x9'-8	0,7394
2'x8'-1	95,8334	4'x8'-5	2,1235	4'x8'-7	0,7392
2'x5'-7	95,8330	4'x5'-4	2,1135	4'x9'-9	0,7370
3'x5'-7	94,8554	4'x6'-4	2,1110	7'x8'-7	0,7361
2'x3'-7	94,8554	2'x8'-4	2,1090	4'x9'-8	0,7359
1'x2'-1	94,7919	2'x9'-4	2,1060	3'x9'-8	0,7357
1'x5'-3	94,7919	4'x9'-6	2,1010	2'x4'-7	0,7354
1'x8'-3	94,7919	2'x4'-6	2,0955	4'x5'-9	0,7352

Tabela 4 - Predição dos 40 melhores híbridos duplos para as características FERT38, P42 e RCAR (grupo I × grupo II)
 Table 4 - Prediction of the 40 better hybrid double for the characteristics FERT38, W42 and WCAR (group I × group II)

Grupo I × Grupo II Group I × Group II					
FERT38 FERT 38		P42 W42		RCAR YCAR	
Cruzamento Crosses	Valor Value	Cruzamento Crosses	Valor Value	Cruzamento Crosses	Valor Value
3x7-1 ^o x8 ^o	96,3544	4x5-2 ^o x4 ^o	2,2142	4x9-2 ^o x4 ^o	0,7433
1x7-2 ^o x8 ^o	96,3542	4x5-4 ^o x9 ^o	2,1858	4x5-4 ^o x7 ^o	0,7424
3x7-3 ^o x8 ^o	95,8655	5x6-2 ^o x4 ^o	2,1622	6x7-7 ^o x8 ^o	0,7414
1x7-2 ^o x3 ^o	95,8652	1x5-2 ^o x4 ^o	2,1600	6x8-1 ^o x7 ^o	0,7409
3x7-5 ^o x8 ^o	95,8334	5x6-4 ^o x9 ^o	2,1570	6x7-4 ^o x7 ^o	0,7402
1x7-2 ^o x5 ^o	95,8332	4x5-4 ^o x5 ^o	2,1540	2x6-4 ^o x7 ^o	0,7398
1x4-2 ^o x3 ^o	95,6790	4x5-1 ^o x4 ^o	2,1500	7x9-2 ^o x4 ^o	0,7397
1x7-3 ^o x8 ^o	95,3444	4x5-3 ^o x4 ^o	2,1480	4x7-2 ^o x4 ^o	0,7391
1x3-1 ^o x8 ^o	95,3127	4x6-2 ^o x4 ^o	2,1475	6x8-3 ^o x7 ^o	0,7390
1x3-3 ^o x8 ^o	95,3125	5x7-2 ^o x4 ^o	2,1458	4x9-2 ^o x9 ^o	0,7388
1x7-5 ^o x8 ^o	95,3125	2x5-2 ^o x4 ^o	2,1457	2x6-1 ^o x7 ^o	0,7385
1x3-8 ^o x9 ^o	95,3125	5x9-2 ^o x4 ^o	2,1452	6x8-4 ^o x7 ^o	0,7385
3x7-8 ^o x9 ^o	95,3125	1x4-2 ^o x4 ^o	2,1452	2x6-3 ^o x7 ^o	0,7385
1x7-3 ^o x5 ^o	94,8235	3x5-2 ^o x4 ^o	2,1432	3x6-1 ^o x7 ^o	0,7384
1x3-1 ^o x7 ^o	94,7917	4x5-4 ^o x8 ^o	2,1425	4x5-2 ^o x9 ^o	0,7383
1x3-1 ^o x3 ^o	94,7917	5x8-2 ^o x4 ^o	2,1407	4x6-2 ^o x7 ^o	0,7381
1x2-2 ^o x3 ^o	94,7917	4x5-4 ^o x6 ^o	2,1390	4x6-3 ^o x7 ^o	0,7377
7x9-5 ^o x8 ^o	94,7915	4x5-4 ^o x7 ^o	2,1390	2x6-7 ^o x9 ^o	0,7376
1x3-3 ^o x9 ^o	94,7915	1x5-4 ^o x5 ^o	2,1310	4x7-2 ^o x8 ^o	0,7376
4x7-2 ^o x8 ^o	94,7584	2x4-2 ^o x4 ^o	2,1310	6x8-4 ^o x7 ^o	0,7375
4x7-3 ^o x8 ^o	94,7027	4x7-2 ^o x4 ^o	2,1310	6x7-2 ^o x7 ^o	0,7372
3x4-1 ^o x3 ^o	94,6707	4x9-2 ^o x4 ^o	2,1305	4x8-2 ^o x9 ^o	0,7371
3x4-3 ^o x8 ^o	94,6707	4x6-4 ^o x9 ^o	2,1298	6x9-3 ^o x7 ^o	0,7370
4x7-2 ^o x3 ^o	94,6692	3x4-2 ^o x4 ^o	2,1285	4x6-4x7 ^o	0,7366
3x7-7 ^o x8 ^o	94,3242	5x8-4 ^o x9 ^o	2,1262	8x9-4 ^o x9 ^o	0,7364
3x7-1 ^o x3 ^o	94,3030	4x8-2 ^o x4 ^o	2,1260	6x9-2 ^o x7 ^o	0,7363
1x2-2 ^o x7 ^o	94,2707	5x6-1 ^o x4 ^o	2,1245	5x6-1 ^o x7 ^o	0,7360
1x2-2 ^o x9 ^o	94,2709	3x5-4 ^o x9 ^o	2,1230	6x7-1 ^o x7 ^o	0,7358
1x7-1 ^o x2 ^o	94,2709	5x6-3 ^o x4 ^o	2,1215	4x9-2 ^o x3 ^o	0,7357
1x7-2 ^o x9 ^o	94,2707	4x7-4 ^o x8 ^o	2,1202	4x6-7 ^o x9 ^o	0,7353
2x5-7 ^o x9 ^o	94,2707	2x5-4 ^o x5 ^o	2,1193	4x9-4 ^o x9 ^o	0,7352
3x5-7 ^o x9 ^o	94,2707	1x5-4 ^o x9 ^o	2,1185	6x9-1 ^o x7 ^o	0,7352
3x5-1 ^o x9 ^o	94,2707	2x5-4 ^o x9 ^o	2,1175	5x6-3 ^o x7 ^o	0,7349
3x7-1 ^o x5 ^o	94,2707	5x6-4 ^o x6 ^o	2,1162	3x6-4 ^o x7 ^o	0,7347
1x4-2 ^o x8 ^o	94,2377	5x8-4 ^o x5 ^o	2,1157	6x9-7 ^o x9 ^o	0,7346
4x7-5 ^o x8 ^o	94,1802	4x6-3 ^o x4 ^o	2,1125	4x8-4 ^o x9 ^o	0,7346
1x4-3 ^o x8 ^o	94,1497	5x9-4 ^o x5 ^o	2,1115	5x7-2 ^o x8 ^o	0,7344
1x4-2 ^o x5 ^o	94,1470	2x4-4 ^o x7 ^o	2,1085	3x6-7 ^o x9 ^o	0,7343
4x7-2 ^o x5 ^o	94,1467	4x6-4 ^o x8 ^o	2,1082	5x6-7 ^o x9 ^o	0,7342
4x7-3 ^o x5 ^o	94,0910	2x5-4 ^o x7 ^o	2,1070	5x9-2 ^o x4 ^o	0,7342

Tabela 5 - Agrupamento dos cruzamentos pelo método de TOCHER

Table 5 - Grouping of the crossings for the method of TOCHER

Grupo Group	Cruzamentos Crosses
1	12', 13', 15', 19', 14' e 28'
2	16', 22', 33', 55', 38', 66' e 18'
3	17', 24', 37' e 64'
4	21', 31', 51' e 47'
5	23', 35', 59' e 45'
6	25', 39', 56', 99' e 48'
7	26', 42' e 74'
8	27', 44' e 78'
9	32', 53' e 96'
10	34', 57', 69' e 91'
11	36' e 62'
12	41' e 72'
13	43', 76', 52' e 94'
14	46' e 83'
15	49', 89' e 82'
16	54' e 98'
17	71', 81' e 73'
18	95' e 97'
19	58' e 86'
20	63' e 77'
21	29' e 79'
22	61' e 84'
23	92' e 93'
24	65' e 75'
25	87'
26	88'
27	85'
28	11'
29	68'

Conclusões

As médias das características são fundamentais em programa de seleção para compor cruzamentos entre linhas, para melhoria de características tanto na matrizes, como no frango de corte.

A predição de híbridos é fonte importante de informação complementar para o melhorista.

Neste estudo, existe similaridade entre os cruzamentos onde se utiliza a linha 1 (linha macho) como progenitor, o que não acontece com as demais linhas.

Literatura Citada

- ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. **The Indian Journal of Genetic and Plants Breeding**, v.41, n.2, p.226-236. 1981.
- COSTA, C.A. Pontos críticos do manejo de matrizes. In: **Manejo de matrizes**. Campinas: Fundação APINCO de Ciência e Tecnologia Avícolas, 1994. 10p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1994. 390p.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1990. 188p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1990.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES - Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1997. 442p.
- FREITAS, R.T.F. **Estudo da divergência genética de suínos em cruzamentos, utilizando-se técnica de análise multivariada**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 152p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- PIASSI, M. **Avaliação do desempenho de linhagens de postura mantidas na Universidade Federal de Viçosa, em competição com marcas comerciais**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1994. 86p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1994.
- RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 389p.
- TORRES, R.A. Conseqüências do melhoramento genético. **cadernos Técnicos da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais**, n.17, p.73-77, 1996.

Recebido em: 17/01/01

Aceito em: 08/11/01