

Avaliação genética do ganho de peso e conversão alimentar de coelhos da raça Nova Zelândia Branco criados em ambientes diferenciados

Alexandre Leseur Santos*, Cláudio Scapinello, Elias Nunes Martins, Fernanda Granzotto, Meiby Carneiro Paula e André Marubayashi Hidalgo

Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, 5790, 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil. *Autor para correspondência. E-mail: aleseur@gmail.com

RESUMO. O objetivo do presente trabalho foi avaliar se a seleção para conversão alimentar (CA) e ganho de peso (GP), com base no desempenho individual e ou coletivo dos láparos, pode produzir ganhos genéticos em progênes criadas coletivamente, e animais submetidos à avaliação no período de 50 a 70 dias de idade, utilizando inferência Bayesiana. Realizaram-se seis análises bicaráter. No teste de desempenho foi observado que as características ganho de peso e conversão alimentar em ambos os ambientes tiveram valores para herdabilidade que variam de 0,42 a 0,60. Tanto a correlação genética 0,44 a 0,68 (GP) e 0,23 a 0,56 (CA) como a fenotípica 0,30 (GP) e 0,17 (CA) foram positivas para a mesma característica quando avaliada nos dois ambientes, coletivo ou individual, e foram negativas ou mesmo nulas, quando entre característica no mesmo ambiente ou em ambientes diferentes. Conclui-se que o uso do teste de desempenho em gaiolas individuais tanto para ganho de peso como para conversão alimentar, pode resultar em progresso genético quando suas progênes forem criadas em ambiente coletivo, visto que houve pequena mudança na reclassificação dos reprodutores de um ambiente para outro.

Palavras-chave: herdabilidade, ganho de peso, conversão alimentar, correlação genética, inferência bayesiana.

ABSTRACT. Genetic evaluation of weight gain and feed-to-gain ratio of White New Zealand rabbits raised in different environments. This research evaluates whether the selection for feed-to-gain ratio (FGR) and weight gain (WG), based on individual and/or collective performance of rabbits, can lead to genetic gain in collectively-raised rabbit progenies. Animals were submitted to an evaluation period at the age of 50 to 70 days, using Bayesian inference. Six two-trait analyses were done. Performance testing observed WG and FC traits in both environments. Heritability values ranged from 0.42 to 0.60. Both the genetic correlation, 0.44 to 0.68 (WG) and 0.23 to 0.56 (FGR), and the phenotypic correlation, 0.30 (WG) and 0.17 (FGR), were positive when evaluated in the same trait between collective or individual environments; correlations between traits in the same or in different environments were negative, or almost null. It can be concluded that use of performance testing, in individual cages, for WG and FGR, can result in genetic progress when progenies are raised in collective environments, as there is a small re-classification of the breeders from one environment to another.

Key words: heritability, weight gain, feed conversion, genetic correlation, bayesian inference.

Introdução

O desenvolvimento de material genético superior se dá por meio de programas de melhoramento genético. A eficiência desse processo é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância das características usadas como critérios de seleção (MARTINS et al., 1997). Os métodos usados para a estimação dessas (co)variâncias já estão bem definidos (GIANOLA; FERNANDO,

1986) e as estimativas podem variar de acordo com a população e com o ambiente em que os indivíduos são criados.

As características, normalmente, consideradas em programas de melhoramento de coelhos se referem ao desempenho reprodutivo das coelhas e ao desempenho individual dos láparos. O desempenho reprodutivo é avaliado por características referentes à ninhada à desmama tais como o seu tamanho, peso médio e o ganho de peso (KHALIL et al., 1987). Na

avaliação de desempenho individual dos lâparos, são considerados o ganho de peso pós-desmama e o peso ao abate, características que são influenciadas tanto por efeitos genéticos diretos como pelos efeitos maternos (POLASTRE et al., 1992).

Todavia, outras características de desempenho dos lâparos são de fundamental importância para a rentabilidade da exploração, como o consumo de ração e a conversão alimentar (POLASTRE, 1990; MOURA et al., 1991; SIMONELLI, 1996). Garrido (2001), trabalhando com coelhos, relatou valores de herdabilidade de 0,01 e 0,68, respectivamente, para ganho de peso e conversão alimentar. Estes resultados sugerem que a seleção para conversão alimentar proporcionaria considerável ganho genético. Entretanto, Sakaguti (1994) ressalta que a seleção de indivíduos, com base nas características peso ao abate, consumo de ração e conversão alimentar, é considerada relativamente difícil, em razão da complexidade de sua base genética e do elevado grau de influência do ambiente a que são sujeitas, podendo gerar interação genótipo x ambiente.

A mensuração do consumo de ração e da conversão alimentar pode ser feita de forma coletiva, considerando toda a ninhada, ou individualmente. No entanto, o controle individual pode influenciar o comportamento dos lâparos com possibilidade de ocorrência de interação genótipo x ambiente. O objetivo do presente trabalho foi avaliar se a seleção para conversão alimentar e ganho de peso, com base no desempenho individual dos lâparos pode produzir ganhos genéticos em progênie criadas coletivamente.

Material e métodos

Os dados analisados neste estudo foram coletados no período de setembro de 2005 a novembro de 2006. Os animais avaliados foram alojados em um galpão de alvenaria com piso de concreto, cobertura de telha de fibrocimento e pé-direito de 3,5 m, possuindo nas laterais paredes de 0,3 m de altura e o restante em tela e cortina plástica para a proteção de ventos e chuva. As gaiolas utilizadas eram de arame galvanizado, providas de bebedouro automático e comedouro semiautomático.

O experimento iniciou-se com uma população de 36 machos e de 108 fêmeas da raça Nova Zelândia Branco, tomados ao acaso, denominada geração 1, os quais não tinham registros de desempenho para as características avaliadas. Ao apresentarem condições de cobertura (fêmeas entre cinco a seis meses e machos com seis a sete meses de

idade), as fêmeas foram levadas às gaiolas dos machos para o acasalamento, utilizando-se três fêmeas para cada macho. Os acasalamentos foram devidamente registrados nas fichas de controle, para posterior controle da descendência.

Desses acasalamentos foram produzidos os animais da geração 2, criados recebendo como fonte de alimento o leite materno e tendo acesso à ração da mãe. Aos 32 dias, os animais foram desmamados, pesados, sexados e tatuados na orelha esquerda com número de identificação para posterior controle. Em seguida, seguiram para gaiolas onde permaneceram alojados em ninhadas até aos 47 dias de idade, momento em que foram aleatoriamente escolhidos para serem mantidos juntos ou separados conforme o tratamento.

Os machos foram submetidos a dois tratamentos experimentais que foram compostos por ambientes diferenciados. O período experimental foi precedido de um período de adaptação de três dias. Durante o período experimental (50 a 70 dias de idade), os animais foram alojados em ninhada no ambiente 1 e em gaiolas individuais no ambiente 2.

Foram mensurados os pesos na entrada (50 dias de idade) e saída (70 dias de idade), além do consumo de ração, por meio do controle do alimento fornecido dos 50 aos 70 dias de idade por recipientes colocados em cima da gaiola de cada animal ou ninhada. Por meio desses dados, foram avaliados o ganho de peso e a conversão alimentar dos coelhos pós-desmama. Para os animais criados em ninhada foi calculada a conversão alimentar do grupo (ninhada em cada gaiola). Cada animal teve à sua disposição água e ração à vontade. A ração foi formulada de acordo com as recomendações de Blas e Wiseman (1998).

Após as avaliações genéticas com base no ganho de peso dos 50 aos 70 dias utilizando-se modelo animal e considerando como (co)variável o tamanho da ninhada, os machos da geração 2 foram classificados em cada ambiente e 110 foram selecionados para reprodução, sendo escolhidos animais que estavam entre os dez melhores, os dez intermediários e os dez com menores valores genéticos em cada avaliação, evitando parentesco entre os animais selecionados. Estes animais foram recriados e acasalados com fêmeas tomadas ao acaso, obtendo para cada macho em média seis ninhadas desmamadas que formaram a geração 3. Todos os animais da geração 3 foram criados em gaiolas coletivas.

Ao final do período experimental foram obtidos dados de desempenho de 2.294 animais dos quais 200 foram criados individualmente e 2.094 foram criados em gaiolas coletivas (Tabela 1), desses os

netos (geração 3) são 1.887 animais. Considerando os animais das gerações 1, 2 e 3 (avós, pais e netos) a matriz de parentesco envolveu 2.597 animais.

Os dados foram analisados por meio do software MTGSAM - Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1995) que procede à estimação Bayesiana por meio da técnica de amostragem de Gibbs.

Para a realização das análises, foi utilizado um modelo animal que inclui o efeito genético direto. Foi considerado tamanho de ninhada como (co)variável para todas as características, e ambiente, data de nascimento e sexo como efeitos fixos, os animais foram separados por grupos genéticos ou grupos de contemporâneos, formados com base nas datas de nascimento.

O ganho de peso e a conversão alimentar em cada ambiente (1 = ninhada e 2 = individual) foram considerados como características distintas: ganho de peso de animais criados no ambiente 1 (GP1), ganho de peso dos animais criados no ambiente 2 (GP2), conversão alimentar dos animais criados no ambiente 1 (CA1) e conversão alimentar dos animais criados no ambiente 2 (CA2).

Para a seleção dos machos que entraram em reprodução utilizou-se análise unicaráter.

Para a realização do teste final de desempenho de todos os animais, foram realizadas seis análises bicaráter, sendo elas compostas por combinações das características avaliadas (GP1GP2, CA1CA2, GP1CA1, GP1CA2, GP2CA1 e GP2CA2), obtendo assim as estimativas para componentes de (co)variâncias e herdabilidades, também como méritos genéticos, que foram utilizados na avaliação do experimento.

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

O modelo animal utilizado para avaliação genética animal foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + \varepsilon$$

em que:

Y é o vetor de observações;

X é matriz de incidência dos efeitos fixos;

β é o vetor dos efeitos fixos;

Z_1 é a matriz de incidência do valor genético aditivo;

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos do coelho;

ε é o vetor dos erros aleatórios associados às observações do vetor Y .

Admitiu-se a seguinte distribuição normal multivariada:

$$\begin{bmatrix} Y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1G & R \\ GZ_1' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

sendo V a matriz de (co) variância fenotípica = $Z_1GZ_1' + R$;

em que:

G é a matriz de (co) variância genética aditiva, $G = A\sigma_a^2$ dada por:

A é a matriz de coeficientes de parentesco;

σ_a^2 é o componente de variância genética aditiva;

R é a matriz de variância e (co) variância residual, dada por: $I_n\sigma_e^2$

I_n é uma matriz identidade de ordem igual ao número de observações;

σ_e^2 é o componente de variância residual.

Para realização deste trabalho, foram utilizados, nas análises, vários tamanhos de cadeias de Gibbs, conforme necessidade de convergência das cadeias, no entanto todas as análises tiveram um descarte inicial dos primeiros 500.000 ciclos (*burn-in*), com uma amostragem a cada 1.000 ciclos (*thinning interval*) gerando de 1.000 a 10.000 amostras dos componentes de variâncias e valores genéticos para cada animal conforme a característica. De acordo com Van Tassel e Van Vleck (1995), procedimentos de retiradas de amostras a grandes intervalos asseguram que a correlação entre as amostras seja nula ou muito pequena.

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

Resultados e discussão

As estatísticas descritivas dos dados utilizados nas análises do experimento estão descritas na Tabela 1.

Tabela 1. Estatística descritiva para as características ganho de peso (g) (GP) e conversão alimentar em ambos os ambientes.**Table 1.** Descriptive statistics for weight gain and feed-to-gain ratio for each environment.

Característica Traits	Média Mean	N	Coefficiente variação Coefficient of variation	Erro Padrão Standard error
GP1	712,51	2094	14,88	2,37
GP2	787,00	200	13,63	7,58
CA1	3,89	2094	14,83	0,01
CA2	3,76	200	12,17	0,03

Scapinello et al. (2000), objetivando estudar a inclusão de feno do terço superior da rama da mandioca para coelhos em crescimento, obtiveram ganhos de peso de 620 a 720 g e conversão alimentar de 3,26 a 3,68; Arruda et al. (2000), avaliando porcentagem de amido dietético sobre a atividade microbiana cecal, encontraram os valores para ganho de peso de 679,2 a 708,4 g e 3,22 a 4,03 para conversão alimentar, já Oliveira e Almeida, (2002), trabalhando com desempenho de coelhos em crescimento criados em diferentes densidades populacionais, encontraram ganhos que variam de 740 a 780 g e 3,56 a 3,68 em conversão alimentar, enquanto que Furlan et al. (2003), testando a utilização do milho, processado ou não por extrusão, na alimentação de coelhos em crescimento, encontraram os valores para ganho de peso de 764,4 a 798,6 g e conversão alimentar de 3,45 a 3,60, o que corrobora os valores encontrados no presente estudo (Tabela 1), estando os mesmos próximos aos encontrados em literatura.

As estimativas de herdabilidade para as características de ganho de peso e conversão alimentar nos dois ambientes testados estão descritas na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade para as características ganho de peso (GP) e conversão alimentar (CA) e respectivos intervalos de credibilidade ($p = 0,9$) e desvio-padrão em cada ambiente.**Table 2.** Estimates of heritability for weight gain and feed-to-gain ratio and their respective confidence intervals ($p=0.9$) and standard deviation for each environment.

Características Traits	Médias Means	Intervalo de Credibilidade Confidence intervals	Desvio-padrão Standard deviation
h_{GP1}^2	0,42	0,34 – 0,50	0,0492
h_{GP2}^2	0,56	0,31 – 0,83	0,1591
h_{CA1}^2	0,47	0,40 – 0,53	0,0469
h_{CA2}^2	0,60	0,48 – 0,69	0,0693

Observa-se que as estimativas de herdabilidade de todas as características foram próximas e de média a alta magnitudes permitindo assim o uso dessas características em programas de seleção.

Para o ganho de peso nos dois ambientes, as herdabilidades estimadas neste trabalho não diferem

quando comparadas aos valores das estimativas encontradas por Santos et al. (2006) de 0,33 e 0,47 para ambiente 1 e 2, e das obtidas por Garrido (2001) de 0,38 e 0,35 para ambiente 1 e 2. Moura et al. (1991) afirmam que a herdabilidade para ganho de peso em coelhos encontrada na literatura deve estar entre 0,34 e 0,60, o que vem a corroborar os resultados encontrados. Simonelli (1996), McNitt e Lukefahr (1996) e Su et al. (1999), encontraram estimativa de herdabilidade para ganho de peso em coelhos em torno de 0,17.

Para a característica conversão alimentar as estimativas de herdabilidades foram de 0,47 e 0,60 para os ambientes 1 e 2 respectivamente, Garrido (2001) trabalhando com coelhos testados logo após a desmama e criados em gaiolas individuais encontrou herdabilidade para a conversão alimentar de 0,68. No entanto, Garrido (2001) utilizou dados de animais criados em gaiolas individuais e não considerou desempenho de parentes criados em gaiolas coletivas, enquanto, no presente estudo considerou-se os desempenhos das progênes criadas em gaiolas coletivas, além das progênes criadas em gaiolas individuais, o que influenciou na classificação dos progenitores criados no ambiente individual, e no valor da herdabilidade da característica.

As correlações genéticas entre ganho de peso e conversão alimentar nos dois ambientes (0,68 e 0,56), são moderadas, o que sugere que parte dos reprodutores tem progênes que apresentam desempenho semelhante para ganho de peso tanto nos animais mantidos em ninhadas como mantidos em gaiolas individuais (Tabela 3). Porém, alguns reprodutores têm progênes que possivelmente não conseguem adaptar-se ao ambiente diferenciado (gaiola individual), apresentando ganho de peso inferior, devido à interação entre o genótipo do animal e o ambiente em que ele é mantido.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas para as características ganho de peso e conversão alimentar, em cada ambiente.**Table 3.** Estimates of genetic and phenotypic correlations for weight gain and feed-to-gain ratio, in each environment.

Correlações Correlations	Correlação Genética* Genetic Correlation	Correlação Fenotípica Phenotypic Correlation	Correlação Genética** Genetic Correlation	Intervalo de Credibilidade Confidence Interval**
$r_{GP1 \times GP2}$	0,679	0,301	0,439	0,164 – 0,693
$r_{CA1 \times CA2}$	0,558	0,170	0,229	0,043 – 0,408
$r_{GP1 \times CA1}$	-0,600	-0,746	-0,641	-0,708 – -0,558
$r_{GP1 \times CA2}$	-0,391	-0,054	-0,073	-0,267 – 0,125
$r_{GP2 \times CA1}$	-0,476	-0,041	-0,069	-0,212 – 0,076
$r_{GP2 \times CA2}$	-0,704	-0,438	-0,436	-0,606 – -0,235

*Calculada a partir dos valores genéticos preditos; **Calculada a partir das estimativas dos componentes de (co)variância; r_{vz} correlação entre as características avaliadas.

*Calculated from the predicted breeding values; **Calculated from the estimates of (co)variance; r_{vz} correlation between the traits evaluated.

A correlação genética entre o ganho de peso e a conversão no ambiente 1 é alta e negativa (-0,60) o que também é observado quanto à correlação para ganho de peso e conversão alimentar no ambiente 2 (-0,70), ou seja, selecionando-se coelhos com base em sua conversão alimentar em qualquer dos ambientes, o ganho de peso de suas progênes quando criadas no mesmo ambiente dos pais tende a aumentar. Isto, em consequência da conversão alimentar ser inversamente proporcional ao ganho de peso.

Simonelli (1996) e Garrido (2001) encontraram correlação genética muito baixa, de 0,01 e 0,06, respectivamente entre o ganho de peso e conversão alimentar de coelhos criados em gaiolas coletivas. Isto sugere que a maioria dos genes que influencia o ganho de peso não necessariamente influencia a conversão alimentar.

As correlações genéticas observadas para ganho de peso em um ambiente e conversão alimentar em outro foram negativas, (sendo -0,39 para $r_{GP1 \times CA2}$ e -0,48, para $r_{GP2 \times CA1}$). Como o interesse é a diminuição do valor da conversão alimentar, o resultado vem demonstrar que se pode lançar mão desta característica em programas de melhoramento visando a melhora do ganho de peso.

As correlações fenotípicas seguiram o comportamento das correlações genéticas, ou seja, para correlação entre ganho de peso e conversão alimentar nos dois ambientes foram 0,30 e 0,17, respectivamente. Garrido (2001) encontrou correlação fenotípica para ganho de peso nos dois ambientes de 0,25, sendo muito próximo ao obtido no presente trabalho. A correlação fenotípica entre ganho de peso e conversão alimentar no ambiente 1 foi negativa (-0,75) como para o ambiente 2 (-0,44). Sendo de interesse diminuir a conversão alimentar e aumentar o ganho de peso.

As correlações fenotípicas para as características ganho de peso em um ambiente e a conversão alimentar em outro, foram negativas, porém baixas ou quase nulas, sendo -0,054 para $r_{GP1 \times CA2}$ e -0,041 para $r_{GP2 \times CA1}$.

Ocorreu alta correlação genética (0,68) entre o ganho de peso nos dois ambientes avaliados. A seleção para ganho de peso em algum dos ambientes, para suas proles serem criadas em outro, permite uma resposta significativa. O que também foi observado para conversão alimentar, ou seja, selecionando-se reprodutores com base na conversão alimentar em gaiolas individuais, quando suas progênes serão criadas em gaiolas coletivas, elas

obterão uma resposta significativa.

A Tabela 3 apresenta as estimativas dos componentes de (co)variância genética aditiva para as características avaliadas e seus respectivos intervalos de credibilidade em nível de 90%.

Garrido (2001) encontrou estimativas de componentes de variância para efeito genético direto para ganho de peso nos dois ambientes de 124,11 e 113,18, demonstrando baixa variação, diferente das estimativas aqui encontradas, de 4.158,0 e 6.708,0 com intervalo de credibilidade de 3.202,87 – 5.198,0 e 3.300,61 – 11.290,0 em nível de 90%, respectivamente, diferindo também na covariância encontrada entre o ganho de peso nos dois ambientes, que foi de 76,87, enquanto, no presente trabalho foi estimada em 2.242,0, com intervalo de credibilidade de 785,23 – 3.736,0, como observado na Tabela 4.

As estimativas para os componentes de variância genética aditiva para conversão alimentar nos dois ambientes foram de 0,16 e 0,19 com intervalo de credibilidade de 0,13 – 0,20 e 0,14 – 0,24 respectivamente, e a covariância para a conversão alimentar entre os dois ambientes foi baixa ou quase nula (0,04).

Tabela 4. Estimativas dos componentes de (co)variância genética e respectivos intervalos de credibilidade ($p = 0,9$) e desvio-padrão para o efeito genético aditivo das características ganho de peso e conversão alimentar (CA) em cada ambiente.

Table 4. Estimates of the components of genetic (co)variances and their respective confidence intervals ($P = 0.9$) and standard deviation for the additive genetic effect of weight gain and feed-to-gain ratio in each environment.

(co)Variâncias (co)variances	Média Means	Intervalo de Credibilidade Confidence intervals	Desvio-padrão Standard deviations
σ_{GP1}^2	4.158,0	3.202,87 – 5.198,00	607,50
σ_{GP2}^2	6.708,00	3.300,61 – 11.290,00	2.455,00
σ_{CA1}^2	0,16	0,13 – 0,20	0,021
σ_{CA2}^2	0,19	0,14 – 0,24	0,032
$\sigma_{GP1 \times GP2}$	2.242,00	785,23 – 3.736,00	893,30
$\sigma_{CA1 \times CA2}$	0,04	0,007 – 0,073	0,020
$\sigma_{GP1 \times CA1}$	-16,53	-21,95 – -11,81	3,078
$\sigma_{GP1 \times CA2}$	-2,798	-10,1697 – 4,6110	4,493
$\sigma_{GP2 \times CA1}$	-2,4787	-7,8995 – 2,5090	3,20
$\sigma_{GP2 \times CA2}$	-22,7924	-41,45 – -7,89	10,29

σ^2 variância e σ covariância para as características avaliadas.

* σ^2 variance and σ covariance for the traits evaluated.

Na Tabela 5, estão descritas as estimativas dos componentes de (co)variância fenotípica para as características ganho de peso e conversão alimentar. Garrido (2001) encontrou estimativas para o componente de variância fenotípica para ganho de peso de 345,33 e 290,97 nos dois ambientes, respectivamente.

Tabela 5. Estimativas dos componentes de (co)variância fenotípica e respectivos intervalos de credibilidade ($p = 0,9$) e desvio-padrão para o efeito genético aditivo das características ganho de peso e conversão alimentar (CA) em cada ambiente.

Table 5. Estimates of the components of phenotype (co)variances and their respective confidence intervals ($p = 0.9$) and standard deviation for the additive genetic effect of weight gain and feed-to-gain ratio in each environment.

(co)Variâncias (co)variances	Média Means	Intervalo de Credibilidade Confidence intervals	Desvio-padrão Standard deviations
σ_{GP1}^2	9.966,0	9.345,06 – 10.640,0	397,10
σ_{GP2}^2	11.880,0	9.803,61 – 1.4420,0	1.416,00
σ_{CA1}^2	0,340	0,318 – 0,357	0,014
σ_{CA2}^2	0,310	0,261 – 0,353	0,033
$\sigma_{GP1 \times GP2}$	2856,00	-2846,72 – 7823,0	3511,00
$\sigma_{CA1 \times CA2}$	0,055	0,0008 – 0,0956	0,033
$\sigma_{GP1 \times CA1}$	-45,25120	-48,74 – -41,90	2,062
$\sigma_{GP1 \times CA2}$	-2,79	-14,05 – 8,45	6,924
$\sigma_{GP2 \times CA1}$	-2,3675	-9,43 – 4,70	4,320
$\sigma_{GP2 \times CA2}$	-38,81460	-51,76 – -27,12	7,505

σ^2 variância e σ covariância para as características avaliadas.
* σ^2 variance and σ covariance for the traits evaluated.

Conclusão

O uso do teste de desempenho em gaiolas individuais tanto para ganho de peso como para conversão alimentar, pode resultar em progresso genético, quando as progênes forem criadas em ambiente coletivo.

Referências

ARRUDA, A. M. V.; CARREGAL, R. D.; FERREIRA, R. G. Desempenho produtivo e atividade microbiana cecal de coelhos alimentados com dietas contendo diferentes níveis de amido. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 3, p. 762-768, 2000.

BLAS, C.; WISEMAN, J. **The nutrition of the rabbit**. Cambridge: CABI Publishing, 1998.

FURLAN, A. C.; MONTEIRO, R. T.; SCAPINELLO, C.; MOREIRA, I.; MURAKAMI, A. E.; OTOTUMI, L. K.; SANTOLIN, M. L. R. Valor nutritivo e desempenho de coelhos em crescimento alimentados com rações contendo milho extrusado. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 5, p. 1157-1165, 2003.

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

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v. 63, p. 217-244, 1986.

KHALIL, M. H.; OWEN, J. B.; AFIF, E. A. A genetic analysis of litter traits in Bouscat and Giza White rabbits. **Animal Production**, v. 45, n. 1, p. 123-134, 1987.

MARTINS, E. N.; SILVA, M. A.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; RAGGI, L. A. Desenvolvimento de um sistema para simulação de população de coelhos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 26, n. 2, p. 272-282, 1997.

McNITT, J. I.; LUKEFAHR, S. D. Genetic and environment parameters for postweaning growth traits of rabbits using an animal model. In: WORLD RABBIT CONGRESS, 6., 1996, Toulouse. **Proceedings...** Toulouse: AFC/INRA, 1996. v. 2, p. 325-329.

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

OLIVEIRA, M. C.; ALMEIDA, C. V. Desempenho de coelhos em crescimento criados em diferentes densidades populacionais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, n. 5, p. 530-533, 2002.

POLASTRE, R. **Seleção em coelhos para o desempenho da ninhada e crescimento individual**: estimacão e ponderacão de efeitos genéticos direto e materno. 1990. 124f. Tese (Livro Docência)-Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Botucatu, 1990.

POLASTRE, R.; MOURA, A. S. A. M. T.; PONS, S. S. Expectativa de um programa de seleção em massa para taxa de crescimento individual em coelhos a raça Selecta. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 21, n. 1, p. 45-46, 1992.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2004.

SAKAGUTI, E. S. **Utilização de técnicas de análise multivariada na avaliação de cruzamentos dialélicos em coelhos**. 1994. 181f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia)-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1994.

SANTOS, A. L.; MARTINS, E. N.; SCAPINELLO, C. Evaluation of the genotype x environment interaction in weight gain of rabbits submitted to two different environments. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. (CD ROOM).

SCAPINELLO, C.; FALCO, J. E.; FURLAN, A. C.; FARIA, H. G. Desempenho de coelhos em crescimento alimentados com diferentes níveis de feno da rama da mandioca (*Manihot esculenta*, Crantz). **Ciência Rural**, v. 30, n. 3, p. 493-497, 2000.

SIMONELLI, S. M. **Estimacão de parâmetros genéticos e fenotípicos de características pós-desmama em coelhos**. 1996. 21f. Monografia (Graduação em Zootecnia)-Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 1996.

SU, G.; KJAER, I. B.; SORENSEN, P. Estimatives of genetic parameters in danih white rabbits using an animal model: I growth and carcass traits. **World Rabbit Science**, v. 7, n. 2, p. 59-64, 1999.

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

Received on February 2, 2009.

Accepted on December 9, 2009.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.