



Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção

Stela Adami Vayego¹, Nelson José Laurino Dionello², Elsie Antonio Pereira de Figueiredo³

¹ Departamento de Estatística/UFPR e Doutoranda do Departamento de Genética/UFPR.

² Departamento de Zootecnia/FAEM/UFPEL.

³ CNPSA/EMBRAPA.

RESUMO - Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos de algumas características produtivas em linhagem paterna de matrizes de frango de corte foram obtidas utilizando-se a metodologia de modelos mistos. Utilizaram-se dados de aproximadamente 46.000 aves, originados de 12 gerações no período de 1992 a 2003, fornecidos pela EMBRAPA Suínos e aves. Nos machos foram avaliadas as características peso corporal aos 42 dias de idade (P42), comprimento de peito (CPeito), largura maior do peito (Larg1) e largura menor do peito (Larg2) aos 42 dias de idade. Os componentes de variância e co-variância foram estimados utilizando-se o programa DFREML. As estimativas de herdabilidade obtidas foram moderadas e variaram de 0,29 a 0,53. As correlações genéticas foram: 0,68 entre P42 e CPeito; 0,65 entre P42 e Larg1; 0,48 entre P42 e Larg2. O estudo da tendência genética das características indicou que progresso genético está sendo obtido.

Palavras-chave: matrizes de frango de corte, modelos mistos, parâmetros genéticos, REML, tendência genética

Estimates of genetic parameters and trends for performance traits in paternal broiler lineages under selection

ABSTRACT - Estimates of genetic and phenotypic parameters for performance traits in paternal broiler lineages selected during 12 generations were obtained through mixed models methodology. Data consisting of body weight (P42), breast length (CPeito), largest (Larg1) and smallest (Larg2) breast widths recorded at 42 days of age in approximately 46,000 birds between 1992 and 2003 provided by CNPSA/EMBRAPA were used to estimate (co)variances by REML. The heritability estimates were moderate, ranging from 0.29 to 0.53. Genetic correlations estimates between P42 and CPeito, Larg1 and Larg2 were 0.68, 0.65 and 0.48 respectively. Genetic trend estimates indicate that progress has been obtained by selection on the performance traits.

Key Words: broilers, genetic parameters, genetic trend, mixed models, REML

Introdução

O predomínio de grandes empresas no mercado de genética avícola está relacionado às tecnologias empregadas na produção de linhagens, com características adequadas ao nível tecnológico da cadeia, às técnicas de manejo e às preferências do consumidor. Segundo estudo realizado pela CNPSA/EMBRAPA em 2001, a participação da variável material genético representa, aproximadamente, 8,3% do custo total da avicultura de corte.

A busca por genótipos mais produtivos e compatíveis com as condições ambientais locais deve ser objetivo nos programas de melhoramento animal. Assim, é fundamental o estabelecimento de programas estáveis de ação, ampara-

dos com suportes financeiros adequados. A diversidade de material genético no Brasil facilita o trabalho de melhoramento, entretanto, a reprodução indiscriminada desse material sem a seleção adequada ocasiona problemas relacionados à depressão por endogamia (Martins, 2002). Portanto, é necessário intensificar processos de identificação dos genótipos superiores por meio de programas coordenados de melhoramento animal (Pereira, 1996).

Desde 1983, a EMBRAPA desenvolve um programa de melhoramento completo (linhas puras, bisavozeiros, avozeiros e matrizeiros) utilizando-se técnicas de genética quantitativa para produtos de corte e postura e mantém o programa voltado a pequenos e médios produtores, além de cooperativas. De acordo com Figueiredo (2005),

a utilização de uma ou duas linhas paternas e duas linhas maternas é importante, pois permite melhorar características antagônicas, como produção de ovos e peso corporal à maturidade sexual.

Para o programa de melhoramento genético animal funcionar, é necessário que o objetivo e o critério de seleção estejam bem definidos. Para a correta definição do critério de seleção, são necessárias informações confiáveis acerca dos parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) e fenotípicos (correlações fenotípicas) associados às características envolvidas no melhoramento.

A estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos exige conhecimento das magnitudes das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas da característica avaliada ou de sua herdabilidade (Carneiro et al., 2004). Essas variâncias geralmente são desconhecidas, o que torna necessário estimar, primeiro, os componentes de co-variância e, depois, os parâmetros genéticos e fenotípicos (Kennedy, 1981).

O uso dos métodos de máxima verossimilhança para estimar os componentes de co-variância tem sido estimulado em análises de dados de reprodução animal pelo Modelo Animal (AM), uma vez que esses métodos são consideravelmente menos viesados pela seleção que seus correspondentes de ANOVA (Meyer & Thompson, 1984). De modo geral, estudos teóricos indicam que inferências pontuais realizadas a partir de funções de verossimilhança não são afetadas por algumas formas de seleção (Resende & Rosa-Perez, 2001), motivo pelo qual o método REML se tornou padrão para a estimação de componentes de variância em programas de melhoramento genético. O método REML elimina o vício atribuído à mudança nas frequências alélicas pela seleção, por meio do uso da matriz de parentesco completa (A), o que torna possível a obtenção de componentes de variância para uma população-base não selecionada e a predição de valores genéticos de indivíduos de qualquer geração.

A estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as características usadas em seleção, assim como a estimação da tendência genética dessas características em linhagens de aves de corte, é realizada com os objetivos de orientar, conduzir e até avaliar a eficiência da seleção empregada, o torna aconselhável o monitoramento constante desses itens em programas de seleção.

Este estudo foi realizado com o objetivo de estimar os componentes de co-variância, os parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações) e as tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem de frangos de corte.

Material e Métodos

O estudo foi realizado utilizando-se informações de parentesco de 46.517 matrizes macho de frangos de corte machos, obtidas no período de 1992 a 2003, de 12 gerações, constantes no Banco Ativo de Germoplasma para Aves de Corte da EMBRAPA Suínos e Aves, em Concórdia, Santa Catarina. Esse banco foi criado com o objetivo de manter sob seleção as linhagens puras de frango de corte que deram origem aos produtos EMBRAPA 021 e EMBRAPA 041 e as linhagens de controle de interesse para pesquisa em genética e melhoramento de aves. Na seleção da linhagem macho, são valorizadas as características peso corporal, conversão alimentar, viabilidade geral e específica, rendimento de carcaça, rendimento de peito, gordura na carcaça, empenamento e ausência de defeitos. As aves são criadas e recriadas com ração para alto desempenho por peso corporal e tamanho de peito aos 42 dias de idade. Os machos selecionados nessa fase são submetidos a um teste de seleção para conversão alimentar dos 43 aos 49 dias de idade. Os animais selecionados são mantidos em galpão de recria e, na idade de acasalamento, para expansão do plantel, são submetidos ao teste de fertilidade.

Foram avaliadas as características peso corporal aos 42 dias de idade (P42), comprimento de peito (CPeito) aos 42 dias de idade, largura maior do peito (Larg1) aos 42 dias de idade e largura menor do peito (Larg2) aos 42 dias de idade. As informações referiam-se a 3.870 aves.

Os componentes de variância e co-variância foram estimados utilizando-se o programa DFREML (Derivative-Free restricted Maximum Likelihood – versão 3.0), desenvolvido por Meyer (1988), que emprega o AM-BLUP, por meio do pacote DXMUX.

Utilizou-se o seguinte modelo estatístico, em sua forma matricial:

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X}\underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{Z}\underset{\sim}{u} + \underset{\sim}{e}$$

em que: $\underset{\sim}{y}$ = vetor (nqx1) de observações de q características medidas organizadas dentro de cada animal, em que n = número de animais em avaliação; $\underset{\sim}{\beta}$ = vetor (pqx1) de efeitos fixos e p = número de efeitos fixos; X = matriz (nqxqp) de incidência de p efeitos fixos; $\underset{\sim}{u}$ = vetor (nqx1) de efeitos aleatórios (efeitos genéticos aditivos dos animais); Z = uma matriz diagonal (nqx nq) de incidência de efeitos aleatórios, constituída de “1” ou “0”, na diagonal principal, dependendo se a característica foi medida no animal; $\underset{\sim}{e}$ = vetor (nqx1) de variáveis aleatórias não-observáveis, denominado vetor de erros aleatórios.

As pressuposições da distribuição multivariada de \underline{y} , \underline{u} e \underline{e} são:

$$\begin{bmatrix} y \\ \underline{u} \\ \underline{e} \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} ZGZ+R & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

Estando as medidas ordenadas dentro de cada animal no vetor \underline{y} , as matrizes G e R são definidas por:

$$G = A \otimes G_0 \text{ e } R = I \otimes R_0$$

em que \otimes = produto de Kronecker; A = matriz (nxn) de parentesco; I = matriz identidade (nxn); G_0 = matriz (qxq) de variância e co-variância genética aditiva entre as q caracte-

rísticas, definida por:

$$G_0 = \begin{bmatrix} s_{A_1}^2 & s_{A_1A_2} & \dots & s_{A_1A_q} \\ s_{A_2A_1} & s_{A_2}^2 & \dots & s_{A_2A_q} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ s_{A_qA_1} & s_{A_qA_2} & \dots & s_{A_q}^2 \end{bmatrix}, \text{ em}$$

que $s_{A_i}^2$ = variância genética aditiva da i-ésima característica e $s_{A_iA_j}$ = co-variância genética entre as característica i e j, com $i = 1, 2, \dots, q$ e $j = 1, 2, \dots, q$; R_0 = matriz (qxq) de variância e co-variância residual entre as q características, definidas

por:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} & \dots & \sigma_{e_1e_q} \\ \sigma_{e_2e_1} & \sigma_{e_2}^2 & \dots & \sigma_{e_2e_q} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{e_qe_1} & \sigma_{e_qe_2} & \dots & \sigma_{e_q}^2 \end{bmatrix}, \text{ em que } \sigma_{e_i}^2 \text{ é a}$$

variância residual da i-ésima característica e $\sigma_{e_iA_j}$, a co-variância residual entre as característica i e j, com $i = 1, 2, \dots, q$ e $j = 1, 2, \dots, q$.

O vetor de observações \underline{y} , a matriz de incidência de efeitos fixos X, a matriz de incidência de valores genéticos Z e o vetor de valores genéticos \underline{u} apresentam nq linhas mostrando cada observação individual, ou seja, que cada animal produz q equações. Assim, no modelo animal, o número de equações a serem resolvidas equivale ao número de animais multiplicado pelo número de características (nq).

O sistema de equações do modelo misto é:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{\underline{b}} \\ \hat{\underline{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ ZR^{-1}y \end{bmatrix}$$

e sua solução gera o resultado:

$$\hat{\underline{u}} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1} Z'R^{-1} (-X)$$

$$\hat{\underline{b}} = \{X'[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]X\}^{-1} \cdot X'[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}]y$$

Nas análises uni e bicaracterísticas, foi considerado efeito fixo (vetor \underline{u}) a incubação e efeito aleatório (vetor \underline{b}), o valor genético aditivo direto dos animais para todas as características avaliadas.

A tendência genética para todas as características foi determinada pela regressão das médias anuais das estimativas do valor genético (VG) dos animais, obtidos por meio das análises unicaracterísticas com o pacote DXMUX, que integra o programa DFREML, em relação ao ano de nascimento do animal, segundo o modelo de regressão:

$$y_j = a + b.x_j + e_j$$

em que: y_j = valor genético médio dos animais nascidos no j-ésimo ano; x_j = j-ésimo ano de nascimento; a = constante da equação; b = coeficiente angulação da equação (coeficiente de regressão linear); e_j = erro aleatório com $\varepsilon \sim N(0; \sigma_\varepsilon^2)$.

A análise de regressão foi realizada utilizando-se o programa BioEstat 4, o que possibilitou verificar, por meio de regressão linear, as evoluções genéticas e fenotípicas para todas as características estudadas.

Resultados e Discussão

O peso corporal médio de 2,57 com desvio-padrão de 0,23 kg foi semelhante ao relatado por Schmidt et al. (2003), de 2,27 kg, e superior ao relatado por Schmidt et al. (1992), de 1,41 kg (Tabela 1). Os coeficientes de variação foram moderados, de 4,48 a 13,00%, indicando a existência de uma variabilidade fenotípica significativa nas características.

As estimativas de herdabilidades foram de moderadas a altas, portanto, diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis, em grande parte, pela variação fenotípica da característica (Tabela 2), o que permite prever valores genéticos por meio dos valores fenotípicos, pois o componente genético é altamente relevante dentro da expressão total da variação.

Tabela 1 - Peso corporal (P42), comprimento de peito (CPeito), largura maior do peito (Larg1) e largura menor do peito (Larg2) aos 42 dias de idade

Característica	n	\bar{X}	S	CV %	Min	Max
P42 (kg)	3.846	2,57	0,23	9,05	1,80	3,30
CPeito (cm)	3.866	13,95	0,63	4,52	12,00	15,70
Larg1 (cm)	3.866	8,56	0,76	8,88	6,20	10,70
Larg2 (cm)	3.872	5,28	0,69	12,88	3,20	7,40

n = número de aves; \bar{X} = média; S = desvio-padrão; CV = coeficiente de variação; Min = mínimo; Max = máximo.

Tabela 2 - Estimativas das variâncias genéticas aditivas (S_A^2), residuais (S_E^2) e fenotípicas (S_P^2), herdabilidades (h^2) e erro-padrão (EP)

Característica	P42	CPeito	Larg 1	Larg 2
Componente de co-variância				
S_A^2	0,02	0,19	0,14	0,09
S_E^2	0,03	0,17	0,29	0,22
S_P^2	0,05	0,36	0,43	0,31
Herdabilidade				
h^2	0,37	0,53	0,33	0,29
EP	0,06	0,06	0,06	0,05

P42: peso corporal aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito aos 42 dias de idade; Larg1: largura maior do peito aos 42 dias de idade; Larg2: largura menor do peito aos 42 dias de idade.

A herdabilidade para peso aos 42 dias de idade (0,37 com erro-padrão de 0,06) está dentro da variação encontrada por Ledur et al. (1992; 1994), de 0,27 a 0,56 e de 0,26 a 0,44, e por Singh & Trehan (1994), de 0,30 a 0,52. No entanto, foi superior ao intervalo descrito por Schmidt et al. (1992), de 0,30 a 0,32, aos valores encontrados por Argentão et al. (2002), de 0,33, e por Krumar et al. (2002), de 0,23, e inferior ao valor relatado por Rance et al. (2002), de 0,52, e ao intervalo descrito por Mallik et al. (2003), de 0,44 a 0,53. O valor obtido é relativamente alto, portanto, P42 pode fornecer uma resposta eficiente à seleção fenotípica, uma vez que grande parte da variação fenotípica é atribuída à variação genética entre indivíduos. As estimativas de herdabilidades para larguras maior e menor de peito foram, respectivamente, 0,33 com erro-padrão de 0,06 e 0,29 com erro-padrão de 0,05 e indicam que essas características podem responder com eficiência à seleção, assim como a característica comprimento de peito, que apresentou estimativa de herdabilidade de 0,53 com erro-padrão de 0,06. Esses resultados são interessantes, pois indicam que ganhos genéticos significativos em quantidade de carne de peito podem ser obtidos, o que é de interesse comercial em se tratando de linhagem de corte.

De acordo com Cardellino & Rovira (1987), o grau de correlação genética entre duas características é importante para controlar diretamente a mudança genética da característica quando selecionada por meio de outra. Como as herdabilidades das características avaliadas foram moderadas (0,29 a 0,53), as correlações genética e ambiental contribuem de maneira semelhante à correlação fenotípica (Tabela 3).

O fato de as correlações genéticas estimadas serem de moderadas a altas (0,33 a 0,84) indica que bons resultados

Tabela 3 - Estimativas de correlações fenotípica (r_P), genética aditiva (r_A) e ambiental (r_E) entre as características analisadas

	r_P	r_A	r_E
P42 × CPeito	0,62	0,68	0,57
P42 × Larg 1	0,55	0,65	0,49
P42 × Larg 2	0,46	0,48	0,45
Cpeito × Larg 1	0,52	0,43	0,59
Cpeito × Larg 2	0,34	0,33	0,37
Larg 1 × Larg 2	0,68	0,84	0,60

P42: peso corporal aos 42 dias de idade; CPeito: comprimento de peito aos 42 dias de idade; Larg1: largura maior do peito aos 42 dias de idade; Larg2: largura menor do peito aos 42 dias de idade.

podem ser obtidos por meio de respostas correlacionadas. As correlações fenotípicas entre peso aos 42 dias de idade e comprimento de peito e larguras maior e menor foram moderadas (0,62; 0,55 e 0,46, respectivamente) e a contribuição das correlações genéticas levemente superior à das correlações ambientais, o que significa que aves com alto peso aos 42 dias de idade podem apresentar características de peito elevadas, tanto por causas genéticas como ambientais.

As correlações fenotípicas entre comprimento de peito e larguras maior e menor foram moderadas (0,52 e 0,34, respectivamente), de modo que contribuição das correlações ambientais foi levemente superior à das correlações genéticas. As correlações genéticas entre peso aos 42 dias de idade e comprimento de peito e entre as larguras maior e menor (0,68, 0,65 e 0,48, respectivamente), indicam que a seleção por peso corporal aos 42 dias de idade influencia positivamente as características de peito, utilizadas para inferir a área de peito da ave (Schmidt et al., 2006). Desse modo, aves com peso corporal elevado aos 42 dias de idade tendem a apresentar maior área de peito, o que é interessante para linhagens de corte.

Uma vez que as correlações genéticas entre comprimento de peito e larguras maior e menor e, entre largura maior e menor, foram medianas a alta e positivas (0,43, 0,33 e 0,84, respectivamente), portanto, ganhos genéticos podem ser alcançados por meio de seleção indireta. Entretanto, a seleção para elevado peso corporal deve ser feita criteriosamente, pois aves muito pesadas tendem a reduzir suas características de reprodução. A deposição de gordura abdominal é outra característica que sofre influência indireta da seleção para peso corporal. Segundo Gaya (2003) e Rance et al. (2002), os critérios de seleção utilizados têm aumentado a deposição de gordura abdominal nas aves, o que pode futuramente ocasionar prejuízos.

A tendência genética para a característica peso aos 42 dias de idade (Figura 1A) foi significativa ($P < 0,05$) e crescente

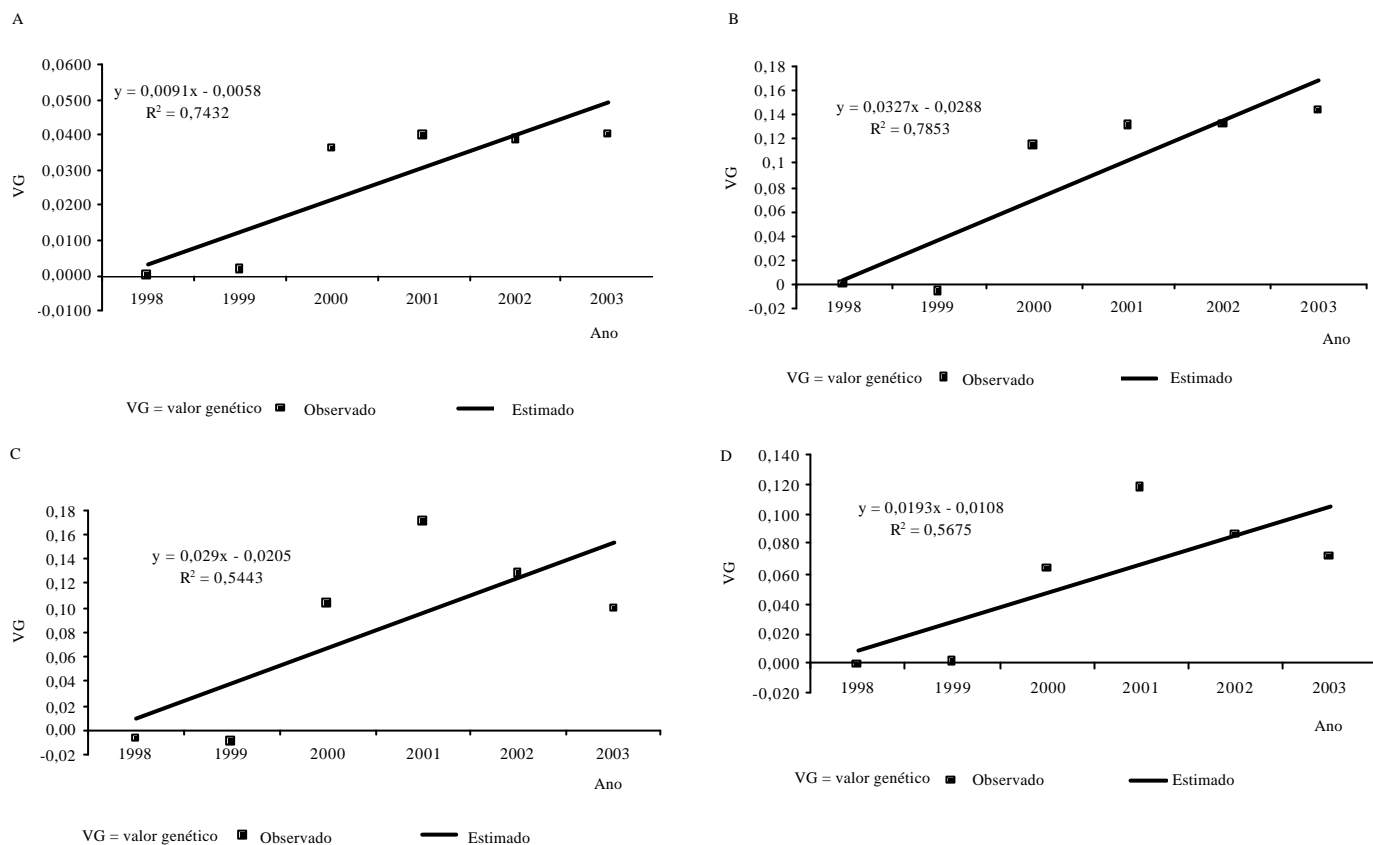


Figura 1 - Tendência genética para (A) peso aos 42 dias de idade (kg), (B) comprimento de peito (cm), (C) largura maior de peito (cm) e (D) largura menor de peito (cm).

(+0,009 kg/ano), indicando que, ao longo das gerações, o peso aos 42 dias de idade tende a aumentar na linhagem em estudo.

A tendência genética para comprimento de peito (Figura 1B) foi significativa ($P < 0,05$) e crescente (+0,033 cm/ano), indicando que, nessa linhagem, o comprimento de peito das aves tende a aumentar ao longo do trabalho de seleção.

As tendências genéticas para larguras maior e menor de peito (Figuras 1C e 1D) não foram significativas ($P > 0,05$).

Conclusões

As estimativas de herdabilidade para as características estudadas foram de moderadas a altas, indicando que uma parcela relativamente grande da variação observada nas características é decorrente de diferenças nos genes de efeito aditivo e que é possível alcançar ganhos genéticos, por meio de seleção, nas aves da linhagem estudada. Quando as correlações genéticas entre peso corporal aos 42 dias de idade e as características de peito são positivas e elevadas, a resposta correlacionada da seleção por peso aos 42 dias sobre essas características pode ser eficiente.

Um progresso genético significativo está sendo obtido ao longo da seleção para as características peso corporal e comprimento de peito aos 42 dias de idade.

Literatura Citada

- CARDELLINO, R.A.; ROVIRA, J. **Mejoramento genético animal**. Montevideo. Hemisfério Sur, 1987. 253p.
- CARNEIRO JR., J.M.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S. et al. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.328-336, 2004.
- FIGUEIREDO, E.A.P. [2005]. **A evolução da genética avícola e suinícola no mundo**. Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/?ids=Sq4r54z6x&ano=2005>> Acesso em: 28/3/2007.
- GAYA, L.G. **Estudo genético da deposição de gordura abdominal e de características de desempenho, carcaça e composição corporal em linhagem macho de frango de corte**. São Paulo: Universidade de São Paulo, 2003. 99p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade de São Paulo, 2003.
- KENNEDY, B.W. Bias and mean square error from ignoring genetic groups in mixed model sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.64, p.689-697, 1981.
- LEDUR, M.C.; SCHMIDT, G.S.; AVILA, V.S. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso corporal em diferentes idades em linhagens de frango de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.21, p.667-673, 1992.
- LEDUR, M.C.; SCHMIDT, G.S.; AVILA, V.S. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos em linhagens de aves selecionadas para

- corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, p.503-508, 1994.
- MALLIK, B.K.; MISHRA, P.K.; MISHRA, S.C. et al. Evaluation of genetic parameters in a synthetic broiler chicken flock due to selection for high six week body weight. **Indian Journal of Poultry Science**, v.38, p.225-229, 2003.
- MARTINS, E.N. **Perspectivas do melhoramento genético de codornas no Brasil**. In. SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 1., 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2002. p.109-112.
- MEYER, K. DFREML – A set programs to estimate variance components under an individual animal model. **Journal of Dairy Science**, v.71, suppl. 2, p.33-34, 1988.
- MEYER, K.; THOMPSON, R. Bias in variance and covariance components estimators due to selection on a correlated trait. **Journal Animal Breeding Genetic**, v.71, p.773-779, 1984.
- RANCE, K.A.; McENTEE, G.M.; McDEVITT, R.M. Genetic and phenotypic relationships between and within support and demand tissues in a single line of broiler chicken. **British Poultry Science**, v.43, p.518-527, 2002.
- RESENDE, M.D.V.; ROSA-PEREZ, J.R.H. **Genética e melhoramento de ovinos**. Curitiba: Universidade Federal do paraná, 2001. 185p.
- SCHMIDT, G.S.; COSTA, C.N.; LEDUR, M.C. et al. 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.; COUTINHO, L.L; FIGUEIREDO, E.A.P. et al. Morphological genetic markers for selection of broiler lines. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v.5, p.175-178, 2003.
- 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.
- SINGH, R.; TREHAN, P.K. Genetic and phenotypic parameters of body and muscle weights and abdominal fat in meat-type chicken. **Indian Journal of Animal Science**, v.64, p.388-392, 1994.