

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE VETERINÁRIA E ZOOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL

**VARIABILIDADE GENÉTICA E ENDOGAMIA EM UM PLANTEL
COMERCIAL DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)**

Lucileide Vilela Resende

Orientador: Prof^a. Dr^a. Nadja Susana Mogyca Leandro

GOIÂNIA

2013

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR AS TESES E DISSERTAÇÕES ELETRÔNICAS NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

1. Identificação do material bibliográfico: ☐ Dissertação ☒ Tese

2. Identificação da Tese ou Dissertação

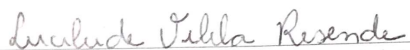
Nome completo do autor: Lucileide Vilela Resende

Título do trabalho: VARIABILIDADE GENÉTICA E ENDOGAMIA EM UM PLANTEL COMERCIAL DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)

3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento ☒ SIM ☐ NÃO¹

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.


Assinatura do (a) autor (a) ²

Data: 21 / 12 / 2016

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

² A assinatura deve ser escaneada.

LUCILEIDE VILELA RESENDE

**VARIABILIDADE GENÉTICA E ENDOGAMIA EM UM PLANTEL
COMERCIAL DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)**

Tese apresentada para obtenção do título de
Doutor em Ciência Animal junto à Escola de
Veterinária e Zootecnia da Universidade
Federal de Goiás.

Área de Concentração:

Produção Animal

Linha de Pesquisa:

Fatores genéticos e ambientais que
influenciam o desempenho dos animais

Orientador:

Prof^a. Dr^a. Nadjia S. M. Leandro – EVZ/UFG

Comitê de Orientação:

Prof^a. Dr^a. Mariana P. de C. Telles – ICB/UFG

Prof^a. Dr^a. Rosane G. Collevatti – ICB/UFG

GOIÂNIA

2013

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do
Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Vilela Resende, Lucileide
VARIABILIDADE GENÉTICA E ENDOGAMIA EM UM PLANTEL
COMERCIAL DE CODORNAS (*Coturnix japonica*) [manuscrito] /
Lucileide Vilela Resende. - 2013.
xvi, 84 f.

Orientador: Profa. Dra. Nadja Susana Mogyca Leandro; co
orientadora Dra. Mariana Pires de Campos Telles; co-orientador Dr.
Rosane Garcia Collevatti .

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de
Veterinária e Zootecnia (EVZ), Programa de Pós-Graduação em
Ciência Animal, Goiânia, 2013.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui siglas, abreviaturas, lista de figuras, lista de tabelas.

1. análise de variância. 2. correlação de Pearson. 3. microssatélite.
4. morfometria. 5. paternidade. I. Mogyca Leandro, Nadja Susana ,
orient. II. Título.

CDU 635



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE VETERINÁRIA E ZOOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
Cx. Postal 131-Campus II – Samambaia, CEP: 74001-970, Tel 62 3521-1586 Fax: 3521-1583
e-mail: posgraduacao@vet.ufg.br

via - secretaria

1 ATA NÚMERO 142 DE DEFESA DE TESE DE DOUTORADO DO PROGRAMA DE PÓS-
2 GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL DA ESCOLA DE VETERINÁRIA E ZOOTECNIA DA
3 UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS, REALIZADA POR LUCILEIDE VILELA RESENDE.
4 Às 14h00min do dia 15/05/2013, reuniu-se na Sala de Defesas do Programa de Pós-
5 Graduação em Ciência Animal da Escola de Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal
6 de Goiás, Campus II Samambaia, nesta Capital Goiânia - Goiás, a Comissão Julgadora infra
7 nomeada para proceder ao julgamento da Defesa de Tese de Doutorado apresentado (a)
8 pelo (a) Pós-Graduando (a) LUCILEIDE VILELA RESENDE, intitulada "Variabilidade
9 genética e endogamia no plantel comercial de codornas (Coturnix japonesa)",
10 apresentada para obtenção do Título de Doutor em Ciência Animal, junto à Área de
11 Concentração: Produção Animal desta Universidade. O Presidente da Comissão Julgadora
12 Profa. Dra. Nadja Susana Mogyca Leandro, iniciando os trabalhos, concedeu, a palavra ao
13 (a) candidato (a) LUCILEIDE VILELA RESENDE para exposição em quarenta minutos do
14 seu trabalho. A seguir, o senhor Presidente concedeu a palavra, pela ordem
15 sucessivamente, aos Examinadores, os quais passaram a arguir o (a) candidato (a), durante
16 o prazo máximo de vinte minutos, assegurando-se ao mesmo igual prazo para responder
17 aos Senhores Examinadores. Ultimada a arguição, que se desenvolveu nos termos
18 regimentais, a Comissão, em sessão secreta, expressou seu Julgamento, considerando o (a)
19 candidato (a) **Aprovado (a) ou Reprovado (a):**

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Nadja Susana Mogyca Leandro
Profa. Dra. Flávia Melo Rodrigues - UEG
Prof. Dr. Rodrigo Zaiden Taveira - UEG
Prof. Dr. Breno de Faria e Vasconcellos (memoria)
Prof. Dr. Arcadio de los Reyes Borjas

**APROVADO (A)
/REPROVADO (A)**

Aprovado
Aprovada
Aprovado
Aprovada
APROVADO

18 Em face do resultado obtido, a Comissão Julgadora considerou o (a) candidato (a)
19 LUCILEIDE VILELA RESENDE, habilitado. (Habilitado (a) ou não
20 Habilitado (a)). Nada mais havendo a tratar, eu Profa. Dra. Nadja Susana Mogyca
21 Leandro, lavrei a presente ata que, após lida e achada conforme foi por todos assinada

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Nadja Susana Mogyca Leandro
Profa. Dra. Flávia Melo Rodrigues - UEG
Prof. Dr. Rodrigo Zaiden Taveira - UEG
Prof. Dr. Breno de Faria e Vasconcellos (memoria)
Prof. Dr. Arcadio de los Reyes Borjas

ASSINATURA

Nadja Leandro
Flavia Melo
Rodrigo Zaiden
Breno de Faria
Arcadio de los Reyes

A Banca Examinadora aprovou a seguinte alteração no título da tese:

Variabilidade genética e endogamia em um plantel comercial
de codornas (Coturnix japonica)

AGRADECIMENTOS

Inicialmente, gostaria de agradecer às instituições que viabilizaram o desenvolvimento deste trabalho. À FAPEG/AUX PESQ CH 007/2009. À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo apoio, sob a forma de bolsa de estudos. À Universidade Federal de Goiás, Laboratório de Genética e Biodiversidade (DBG – ICB I - UFG) pela oportunidade de desenvolvimento do meu projeto.

À grande família LGBio (Laboratório de Genética e Biodiversidade da Universidade Federal de Goiás – UFG) pela amizade, companheirismo, sempre auxiliando no meu aprendizado e nas coletas dos dados. Em especial as professoras, companheiras e amigas de muitos anos Mariana Pires de Campos Telles e Thannya Nascimento Soares, que participaram diretamente da minha formação. As bolsistas pelo auxílio, em especial a Ludymila Barbosa Silva Guedes e a Sara Giselle de Cássia Alexandre Gondim que me auxiliaram na coleta de sangue e das medidas morfométricas nas codornas e a Monik Oprea pelas traduções dos abstracts.

Agradeço a minha orientadora Prof^a. Dr^a. Nadja Susana Mogyca Leandro pela orientação, compromisso e amizade. Ao comitê de orientação composto Prof^a. Dr^a. Mariana Pires de Campos Telles e Prof^a. Dr^a. Rosane Garcia Collevatti pelos ensinamentos, apoio, amizade, confiança, estímulo, conselhos e diversas oportunidades de crescimento pessoal, que foram muito significativas para mim!

Aos membros da Banca de Qualificação, Prof^a. Dr^a. Nadja Susana Mogyca Leandro, Prof^a. Dr^a. Mariana Pires de Campos Telles, Prof. Dr. Rosane Garcia Collevatti, Prof. Dr. Breno de Faria e Vasconcellos, Prof. Dr. Marcos Barcellos Café, pelas sugestões essenciais para a conclusão deste trabalho.

Aos Professores Dr. Breno de Faria e Vasconcellos, Dr. José Alexandre Felizola Diniz Filho e Prof. Dr. Arcadio de los Reyes Borjas, pelos ensinamentos e auxílio nas análises estatísticas.

Ao meu marido Luiz, meus pais Lindomar e Sebastiana e irmãos Letise e Wesley que sempre me apoiaram, obrigada pelo amor, carinho, amizade, compreensão! À todos os meus familiares e amigos pelo estímulo e amizade.

À todos que de alguma maneira ajudaram no desenvolvimento deste projeto ou no enriquecimento de minha formação profissional e humana. À todos o meu reconhecimento e gratidão: MUITO OBRIGADA!!!!

SUMÁRIO

RESUMO.....	xiii
ABSTRACT	xv
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES INICIAIS	1
1 Caracterização da Espécie	5
2. Marcadores genéticos	7
2.1 Marcadores Microsatélites	9
3. Aplicações dos marcadores moleculares no melhoramento animal.....	12
CAPÍTULO 2 – DIVERSIDADE GENÉTICA, ENDOGAMIA E VÍNCULO GENÉTICO EM PROGÊNIES DE CODORNAS (<i>Coturnix japonica</i>)	26
Resumo	26
Abstract	27
Introdução	28
Material e Métodos	29
Resultados e Discussão	33
Conclusão	37
Referências	38
CAPÍTULO 3 – ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES PARA MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM FAMÍLIAS DE CODORNAS (<i>Coturnix japonica</i>).....	42
Resumo	42
Abstract	43
Introdução	44
Material e Métodos.....	45
Resultados e Discussão	47
Conclusão	51
Referências	52
CAPÍTULO 4 – CORRELAÇÃO ENTRE NÚMERO DE FILHOTES E CARACTERÍSTICAS FENOTÍPICAS EM CODORNAS (<i>Coturnix japonica</i>)	54
Resumo	54
Abstract	55

Introdução	56
Material e Métodos	57
Resultados e Discussão	58
Conclusão	64
Referências	64
CAPÍTULO 5 – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	66
APÊNDICES	67

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 2 – DIVERSIDADE GENÉTICA, ENDOGAMIA E VÍNCULO GENÉTICO EM PROGÊNIOS DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)

- Figura 1. Progenies das codornas da granja experimental da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG, com as respectivas identificações experimentais. 30
- Figura 2. Distribuição das frequências alélicas encontradas para *Coturnix japonica* com 12 locos microssatélites. As barras pretas representam as frequências alélicas nos parentais e as brancas nas progenies. 34

CAPÍTULO 3 – ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES PARA MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM FAMÍLIAS DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)

- Figura 1. Medidas morfométricas coletadas nos parentais e progenies: peso das progenies (g) (P), comprimento total do corpo sem penas (cm) (CC), comprimento do bico ou do cúlmen (mm) (CB), medido da base até a ponta do bico, altura do bico na base (mm) (AB), largura do bico na base (mm) (LB), comprimento da asa (cm) (CA), comprimento do tarso (mm) (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (mm) (CD).. 30

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 2 – DIVERSIDADE GENÉTICA, ENDOGAMIA E VÍNCULO GENÉTICO EM PROGÊNIOS DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)

- Tabela 1. Relação dos 12 locos microssatélites analisados em *Coturnix japonica*, contendo o número de indivíduos (n), número de alelos observados (na), heterozigosidade esperada (He) e observada (Ho), estimativa de frequência de alelos nulos (FAN), probabilidade de exclusão de paternidade (PE), probabilidade de identidade (PI) e conteúdo de informação polimórfica (PIC) para os parentais e progênis, respectivamente..... 36
- Tabela 2. Coeficiente de endogamia (*f*) estimada na geração parental e suas progênis no experimento conduzido com *Coturnix japonica* da granja experimental da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG 37

CAPÍTULO 3 – ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES PARA MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM FAMÍLIAS DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)

- Tabela 1. Número de progênis (N), mínimo, máximo, média, desvio padrão (DP), variância e coeficiente de variação (CV) para as variáveis: peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO), peso das progênis (P), comprimento total do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico na base (AB), largura do bico na base (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para *Coturnix japonica*.....30
- Tabela 2. Correlação entre as variáveis: peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO), peso das progênis (P), comprimento total do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico na base (AB), largura do bico na base (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para *Coturnix japonica*..... 34
- Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) e de herdabilidade (h^2) para as variáveis peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO), peso das progênis (P), comprimento total do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico na base (AB), largura do bico na base (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD), a partir das análises unicaráter para *Coturnix japonica*..... 34
- Tabela 4. Estimativas de herdabilidade para as variáveis analisadas nos ovos: peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO) e peso das progênis (P), encontradas na literatura para a espécie *Coturnix*.....

CAPÍTULO 4 – CORRELAÇÃO ENTRE NÚMERO DE FILHOTES E CARACTERÍSTICAS FENOTÍPICAS EM CODORNAS (*Coturnix japonica*)

Tabela 1. Quantidade de filhos (QF) por fêmea de <i>Coturnix japonica</i> , obtidos a partir do teste de paternidade realizado com marcadores microssatélites em progênes oriundas do experimento.....	58
Tabela 2. Quantidade de filhos (QF) por macho de <i>Coturnix japonica</i> , obtidos a partir do teste de paternidade realizado com marcadores microssatélites em progênes oriundas do experimento.....	59
Tabela 3. Número de indivíduos (N), mínimo, máximo, média, desvio padrão (DP), variância e coeficiente de variação (CV) para as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD), para as fêmeas de <i>Coturnix japonica</i>	59
Tabela 4. Número de indivíduos (N), mínimo, máximo, média, desvio padrão (DP), variância e coeficiente de variação (CV) para as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD), para os machos de <i>Coturnix japonica</i>	60
Tabela 5. Teste de significância para as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD), entre machos e fêmeas de <i>Coturnix japonica</i>	60
Tabela 6. Correlações entre as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para as fêmeas de <i>Coturnix japonica</i>	61
Tabela 7. Correlações entre as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para os machos de <i>Coturnix japonica</i>	62

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

AB	- altura do bico na base (cm)
AFLP	- <i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i> - Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados
CA	- comprimento da asa (cm)
CB	- comprimento do bico ou do cúlmen (cm)
CC	- comprimento total do corpo sem penas (cm)
CD	- comprimento do dedo mais comprido, com a unha (mm)
CO	- comprimento do ovo (cm)
CT	- comprimento do tarso (mm)
CV	- coeficiente de variação
DNA	- ácido desoxirribonucleico - deoxyribonucleic acid
DP	- desvio padrão
f	- coeficiente de endogamia
FAN	- frequência de alelos nulos
FISH	- <i>Fluorescence In Situ Hybridization</i> - Hibridização fluorescente <i>in situ</i>
h^2	- herdabilidade
He	- heterozigosidade esperada
Ho	- heterozigosidade observada
I	- probabilidade de identidade genética
LB	- largura do bico na base (cm)
LO	- largura do ovo (cm)
n	- número de indivíduos
na	- número de alelos observados
P	- Peso (g)
PCR	- Reação em Cadeia da Polimerase – <i>Polymerase Chain Reaction</i>
PE	- probabilidade de exclusão de paternidade combinada
PI	- probabilidade de identidade combinada
PIC	- conteúdo de informação polimórfica- <i>Polymorphism Information Content</i>
PO	- peso do ovo (g)
Q	- probabilidade de exclusão de paternidade
QF	- quantidade de filhos
QTL	- <i>Quantitative Trait Loci</i> - Locos de Características Quantitativas
RAPD	- <i>Random Amplified Polymorphic DNA</i> - Polimorfismo do DNA amplificado ao acaso
REML	- máxima verossimilhança restrita
RNA	- ácido ribonucleico - ribonucleic acid
SAMM	- seleção assistida por marcadores
SNPs	- Single nucleotide polymorphisms – polimorfismos de base única
STR	- Repetições curtas em série - <i>Short Tandem Repeats</i>
σ_α^2	- variância genética aditiva
σ_ϵ^2	- variância residual

σ_{π}^2 - variância fenotípica

RESUMO

O objetivo deste estudo foi utilizar marcadores microssatélites para estimar diversidade genética e endogamia, realizar análises de vínculo genético, estimar a herdabilidade para as variáveis morfométricas: peso (PO), comprimento (CO) e largura do ovo (LO), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD) e verificar a associação genética para estas variáveis nas progênes e verificar quais características: P, CC, CB, AB, LB, CA, CT e CD estão relacionadas com quantidade de filhos (QF) nos adultos em famílias oriundas de um plantel comercial de codornas. Para o desenvolvimento do trabalho foi instalado um experimento com sete gaiolas contendo seis fêmeas e dois machos, resultando em uma progênie de 672 indivíduos. O genótipo dos indivíduos foi obtido em sequenciador automático de DNA. Os genótipos foram utilizados para realização das análises de diversidade genética, endogamia e vínculo genético nas duas gerações e para realizar análises de componentes de variância, estatísticas descritivas, correlações de Pearson, herdabilidade, teste t e teste U de Mann-Whitney. Considerando a geração parental foi encontrada alta probabilidade de exclusão de paternidade combinada ($PE = 0,999956$), baixa probabilidade de identidade combinada ($PI = 1,47 \times 10^{-13}$) e frequência de alelos nulos próximas a zero. Os valores de heterozigosidade esperada (He) e observada (Ho) e conteúdo de informação polimórfica (PIC) foram iguais a 0,768, 0,766 e 0,734 respectivamente, indicando uma elevada diversidade genética. A diversidade genética foi mantida quando se avaliou apenas as progênes ($He = 0,760$, $Ho = 0,757$ e $PIC = 0,725$). O coeficiente de endogamia (f) foi baixo e não significativo. A análise de vínculo genético foi eficiente para atribuir a paternidade e maternidade para 97% das progênes. O peso das progênes ao nascimento e as variáveis analisadas nos ovos estão altamente correlacionadas e também existe correlação significativa entre a maioria das medidas. As estimativas de herdabilidade encontradas são consideradas de moderada a alta. A média de filhotes por fêmea foi 15,93 e de machos 44,6, com fêmeas, em média, mais pesadas que os machos. A QF só foi correlacionada com o CC das fêmeas. Houve diferença significativa entre o peso dos machos mais pesados em relação aos mais leves, mas a comparação da QF por categoria de peso não foi significativa. Esses resultados permitem concluir que este painel de 12 marcadores microssatélites é robusto para a realização de análises de vínculo genético e para estudos de variabilidade genética nesta espécie, com as variáveis analisadas nos ovos e peso das progênes altamente correlacionadas, estimativas

de herdabilidades moderadas a altas para as variáveis analisadas. As fêmeas são mais pesadas que os machos, QF só está correlacionada com o CC das fêmeas, não apresentando diferença significativa entre o peso dos machos mais pesados em relação aos mais leves. Essas informações podem ser úteis em futuros programas de melhoramento genético para *Coturnix japonica*.

Palavras-chave: análise de variância, correlação de Pearson, microsatélite, medidas dos ovos, morfometria, paternidade

GENETIC VARIABILITY AND INBREEDING ON A QUAIL (*Coturnix japonica*) COMMERCIAL FLOCK

ABSTRACT

This study aimed to estimate the genetic diversity and inbreeding, perform genetic relationships analysis, and estimate heritability for morphometric variables in quails using microsatellite markers. We used the following morphometric measurements: weight (PO), length (CO), and width (LO) of eggs, weight (P), body length (CC), length (CB), height (AB), and width (LB) of beak, wing length (CA), tarsus length (CT), and toe length (CD). We verified the genetic association for the morphometric variables in the progenies. Also, we checked whether features P, CC, CB, AB, LB, CA, CT, and CD were related to the amount of offspring (QF) from adults in quail families from a commercial flock. We used seven cages containing six females and two males each, which resulted in a progeny of 672 individuals. The genotypes of the individuals were obtained in an automated DNA sequencer. Genotypes were used for genetic diversity, inbreeding, and genetic link analyzes of two generations, and to perform analyzes of variance components, descriptive statistics, Pearson correlations, heritability, t-test, and U-test of Mann-Whitney. In the parental generation we found high probability of combined paternity exclusion ($PE = 0.999956$), low probability of combined identity ($PI = 1.47 \times 10^{-13}$), and that null alleles frequency was near zero. The values of expected (He) and observed (Ho) heterozygosity, and polymorphism information content (PIC) were equal to 0.768, 0.766 and 0.734, respectively, indicating a high genetic diversity. When we assessed only the progenies, the genetic diversity was maintained ($He = 0.760$, $Ho = 0.757$ and $PIC = 0.725$). The inbreeding coefficient (f) was low and not significant. The genetic link analysis was efficient to assign paternity and maternity for 97% of the progeny. The weight of the offspring at birth and the variables analyzed in eggs are highly correlated. There is also a significant correlation between most measures analyzed. Estimates of heritability values were considered moderate to high. The average number of offspring was 15.93 per female, and 44.6 for males. Females were, on average, heavier than males. The QF was only correlated with the CC in females. We found significant difference between the weight of heavier males when compared to lighter males, but the comparison between QF and weight category was not significant. These results indicated that the 12 microsatellite markers

used in the study were robust for the genetic relationships and genetic variability analysis in this species. We also found that the egg's variables and progeny's weight were highly correlated, and heritability estimates ranged from moderate to high in the variables analyzed. Females were heavier than males, QF was correlated only with CC in females, and there was no significant difference between heavier males and lighter males. All these information may be useful in future breeding programs for *Coturnix japonica*.

Key words: analysis of variance, egg measures, microsatellite, morphometric measurement, paternity assemble, Pearson correlation.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES INICIAIS

No cenário da produção avícola brasileira, durante muitos anos, a coturnicultura foi considerada como uma atividade alternativa para pequenos produtores. Entretanto, em função do potencial dessas aves para a produção de ovos e carne, sua exploração comercial cresceu e encontra-se em expansão ¹⁻³.

A produção de ovos e carne de codornas tem sido considerada uma produção alternativa e vantajosa, já que a codorna possui pequeno porte, rápido crescimento, boa adaptabilidade, maturidade sexual precoce, elevada taxa de postura, grande resistência a enfermidades, baixo consumo de ração e fácil manejo ⁴⁻¹⁰. Além disso, destacam-se a alta qualidade dos produtos finais obtidos na exploração comercial, sendo uma interessante fonte de proteína animal para a população ^{9,11}.

A coturnicultura também se destaca no mercado agropecuário brasileiro como excelente atividade produtiva, principalmente pelo uso de pequenas áreas, baixo investimento e rápido retorno do capital investido ⁷.

A produção de codornas vem aumentando desde a sua implantação como atividade avícola econômica, em virtude do consumo em larga escala de carne e ovos por vários países do mundo, principalmente na China, Japão, Brasil, França e Espanha ¹².

O Brasil apresenta produção de codornas predominantemente voltada para produção de ovos e está se consolidando como importante segmento da avicultura nacional, com grande crescimento nos últimos anos ^{6,12-13}. Conforme o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) o efetivo de codornas teve crescimento de 13,1% em 2010 comparado com 2009, passando de 11.485.093 para 12.992.269 animais. A Região Centro-Oeste apresentou aumento deste efetivo de 34,4%. No Brasil, o número de ovos de codorna produzidos, levando em conta os anos de 2009 e 2010, também cresceu consideravelmente, tendo incremento de produção de 192.346.000 para 232.398.000 dúzias de ovos, aumentando 20,8%. O estado de Goiás está em 10º lugar, tanto em produção de ovos como em tamanho efetivo da criação, com 243.150 animais e uma produção de 3.878.000 dúzias de ovos ao ano ¹⁴.

Embora a produção em escala industrial tenha aumentado nos últimos anos, observa-se ainda baixa uniformidade nos índices produtivos, com informações escassas nas

áreas de manejo e nutrição, dificultando a criação e contribuindo para o aumento no custo de produção desta espécie ^{6-7,15}.

Dessa forma, torna-se um grande desafio para pesquisadores e profissionais, desenvolverem técnicas de produção e manejo, com adoção de programas corretos de alimentação e práticas de manejo e sanidade, que possibilitem maior representatividade da espécie no mercado brasileiro, garantindo futuramente grande sucesso como o obtido na exploração de frangos de corte ^{7,13,15}.

Outro problema é a dependência do Brasil em relação às matrizes importadas, tanto para a produção de ovos quanto para produção de carne, pois o mesmo ainda não possui material genético próprio. Assim, é preciso desenvolver material genético superior, por meio de programas de melhoramento genético, que busquem a formação de plantéis nacionais, a partir da seleção dos animais geneticamente superiores que deverão ser multiplicados ^{3,16}. A eficiência do melhoramento é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co) variâncias das características de produção e dos critérios de seleção. As variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais são parâmetros peculiares da população que se está estudando, podendo variar de população para população, de acordo com diversos fatores a que estejam submetidas ¹⁷.

Assim, para atingir maior produtividade, o setor coturnícola necessita ultrapassar alguns obstáculos, como o desenvolvimento de linhagens mais produtivas. Em outras espécies, como em poedeiras comerciais ou frangos de corte, o melhoramento é realizado por empresas detentoras das linhagens. Assim, a coturnicultura difere das demais criações avícolas com interesse comercial no tocante ao melhoramento genético, já que a produção de codornas em algumas regiões do Brasil costuma ser realizada de forma pouco criteriosa, sendo que na maioria das vezes o próprio criador produz suas reprodutoras acasalando famílias, o que pode levar a endogamia ^{3,13,16,18}.

Para obter material genético de qualidade, são necessários programas de melhoramento bem fundamentados, embasados em parâmetros genéticos acurados e precisos. Os programas de melhoramento animal devem apoiar-se em características de importância econômica para o desenvolvimento de linhagens mais produtivas ^{3,16,18-19}. Para que esses programas sejam eficientes é necessário que haja variabilidade genética nas populações, e parte dessa variabilidade pode ser atualmente identificada com o auxílio dos marcadores moleculares.

Até meados da década de 60 os estudos de genética e de melhoramento eram realizados pela análise de genes associados a caracteres morfológicos, de fácil identificação visual, que contribuíram muito para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para a construção das primeiras versões de mapas genéticos. Entretanto, o pequeno número de marcadores em uma mesma espécie diminuía a probabilidade de se encontrar associações significativas entre esses marcadores e caracteres de importância para programas de melhoramento ou para estudos teóricos ^{17,20-22}.

Com o desenvolvimento de novas tecnologias foi possível a localização de pontos de referência nos cromossomos, denominados de marcadores moleculares. Esses marcadores têm se tornado poderosa ferramenta no estudo de populações naturais ou domesticadas, com grande avanço tanto em estudos que visam à análise da variabilidade genética entre e dentro de populações, quanto naquelas que pretendem acessar a variabilidade genética existente entre raças, espécies ou grupos taxonômicos, sendo de grande utilidade no melhoramento genético ^{21,23-24}.

Os diferentes tipos de marcadores moleculares disponíveis apresentam ampla capacidade de amostragem do genoma, sendo muito utilizados para a avaliação da diversidade genética tanto para aplicações filogenéticas e evolutivas quanto para fins práticos em programas de melhoramento genético e na manutenção de bancos de germoplasma ^{21,25-26}. Os marcadores baseados em PCR (Reação em Cadeia da Polimerase – *Polymerase Chain Reaction*) mais amplamente utilizados no melhoramento genético são os microssatélites ou STR (Repetições curtas em série - *Short Tandem Repeats*) e os SNPs (Single nucleotide polymorphisms – polimorfismos de base única) ^{21,24,27-29}.

Os marcadores microssatélites utilizam - se de sequências conhecidas que flanqueiam as regiões microssatélites, que são pequenas sequências não codificadoras de DNA, compostas de um a seis nucleotídeos repetidos em série. São bastante abundantes e dispersas ao longo do genoma de eucariotos, sendo muito utilizados para a análise de vínculo genético, parentesco e mapeamento genético, pois apresentam alto nível de polimorfismo ^{21,30-36}.

Existem diversos marcadores de regiões microssatélites disponíveis para codornas e foram utilizados principalmente para a construção de mapas de ligação e QTL's (*Quantitative Trait Loci* - Locos de Características Quantitativas) em plantéis da França e Japão ³⁷⁻⁴² e também algumas estudos, utilizando marcadores AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism* - Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados) ^{41,43-}

⁴⁴. No entanto, no Brasil, não foram encontrados, na literatura, trabalhos utilizando marcadores microssatélites para essa espécie.

Os marcadores microssatélites também podem ser utilizados para estimar a endogamia em uma população. A endogamia é um sistema de acasalamento entre indivíduos parentes, isto é, que tenham pelo menos um ancestral em comum, tendo como principal efeito genético o aumento da homozigose e consequentemente, diminuição da heterozigose, alterando assim, a frequência genotípica, apresentando indivíduos mais uniformes com diminuição da variação genética, podendo levar a sérios problemas reprodutivos e produtivos ^{17,45}.

De acordo com FALCONER (1987), não se pode esperar respostas à seleção de forma contínua, sendo que, após determinado número de gerações sob seleção, todos os locos favoráveis tendem a ser fixados. À medida que os locos se aproximam da fixação, há redução na resposta à seleção, de maneira que, ao cessar a resposta, a população é dita estar no limite de seleção. A endogamia tende a fixar alelos favoráveis, assim como desfavoráveis, em alguns locos. Dessa forma, os processos seletivos favorecem a redução da variabilidade genética nas populações ⁴⁶.

Entretanto, poucos estudos abordam os efeitos da seleção na endogamia, na fixação de alelos e no limite da seleção. O conhecimento destes impactos é importante, visto que a depressão endogâmica na característica sob seleção tem importante efeito sobre a resposta à seleção a médio e longo prazo. Como consequências das elevadas taxas de endogamia, têm-se perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pela capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica. A redução da endogamia apresenta como vantagens, melhor uso da variabilidade genética disponível na população e diminuição na depressão causada pela própria endogamia com relação a características consideradas na seleção. Sendo assim, a endogamia deve ser monitorada e controlada em programas de melhoramento ^{17,46-50}.

Assim, pesquisas que ajudem a elucidar o perfil de grupos genéticos de codornas que são comercializados atualmente no Brasil, podem auxiliar os programas de melhoramento na definição de matrizes adequadas para a melhoria do plantel comercial. Além disso, há necessidade de investimentos no âmbito do melhoramento genético em codornas, pois os parâmetros reprodutivos são consideravelmente afetados pela consanguinidade e estes se constituem uma fase imprescindível em todo processo de produção.

1 Caracterização da Espécie

As codornas são originárias do norte da África, da Europa e da Ásia, pertencendo à ordem dos *Galliformes*, família dos *Phasianidae* e da subfamília dos *Perdicinae*, sendo, portanto, da mesma família das galinhas domésticas e perdizes ^{4,9,12,51}.

Existem confusões e controvérsias sobre o status taxonômico de codornas japonesas que persistem na literatura atual. Codornas japonesas eram consideradas uma subespécie da codorna européia ou comum (*Coturnix coturnix*) e foi dada a designação científica *Coturnix coturnix japonica*. No entanto, evidências posteriores sobre as diferenças de vocalizações, simpatria, isolamento sexual e inviabilidade de híbrido, sugerem que codornas comuns e codornas japonesas são espécies distintas ^{4,10,52-54}. Assim, ao longo deste trabalho, a designação científica utilizada para a codorna japonesa será *Coturnix japonica*.

A codorna japonesa é uma ave terrestre, que habita áreas gramadas, sendo originária da Ásia (Japão, China, Coreia). As espécies selvagens (codorna comum e codornas japonesas) são morfologicamente muito semelhantes, existindo alguns critérios que permitem a diferenciação das duas espécies, tais como: comprimento da asa dobrada em relação ao comprimento do tarso, a forma das penas, o canto, estrutura dos machos e maturidade sexual. No entanto, as codornas japonesas selvagens passaram por domesticação e processo de seleção na Europa, Ásia, América do Norte e na Índia, originalmente pelo canto no Japão e China e posteriormente foram selecionadas para a produção de ovos e carne, o que levou a acentuado aumento de tamanho e peso ^{4-5,52,55}.

No Japão, muitas linhagens de codornas japonesas foram estabelecidas para diversas finalidades, incluindo linhagens de laboratório, para estudo de transgênicos, de doenças humanas, para estudos de comportamento, neurofisiológicos e neuroendócrinos ^{4-5,12,52,56-60}.

A espécie *Coturnix japonica* apresenta dimorfismo sexual, com as fêmeas de maiores tamanhos que os machos e também diferindo no padrão de plumagem. Possuem grande número de cromossomos, com cariótipo $2n = 76 + Z/W$ e não apresentam diferenças entre as formas selvagens e domesticadas. A cor da plumagem do tipo selvagem é predominantemente escura, as fêmeas têm penas do peito pálidas com pintas escuras e os

machos têm penas escuras uniformes de cor castanha ^{4,52}. O padrão de tamanho, forma e cor dos ovos variam consideravelmente entre as fêmeas ⁵².

Existem estudos que mostram que ocorre hibridação em cativeiro entre codornas européia e japonesa ⁶¹⁻⁶². Estudos filogenéticos com uso de DNA mitocondrial identificaram dois clados principais, correspondendo às duas subespécies e permitiu a detecção de híbridos. Com o uso de marcadores microssatélites também foram identificados híbridos, o que sugere que as codornas comuns e japonesas também podem hibridizar na natureza ^{61,63-70}. Alguns destes trabalhos sugerem a inviabilidade dos híbridos. No entanto, estudos em laboratório, demonstraram que os híbridos F1, F2 e retrocruzamentos são férteis ⁶¹.

A hibridização pode afetar características funcionais, como tamanho do corpo, cores de penas, comportamentos sexuais e migratórios. Assim, o repovoamento com codornas de cativeiro não deve ocorrer, pois esta introgressão de genes pode ser uma ameaça as populações nativas ^{55,61-71}.

A sequência completa de DNA mitocondrial de *Coturnix japonica* foi obtida para determinar a posição filogenética das codornas japonesas na ordem Galliformes. A análise da sequência mitocondrial revelou um DNA circular com 16.697 pares de bases (pb), sendo menor do que o de frangos que é de 16.775 pb, mas com estrutura genômica similar. As homologias de sequência de todos os genes mitocondriais, incluindo os de 12S e 16S do RNA ribossomal (rRNA), entre codornas japonesas e frangos é de 78,0 a 89,9% ⁷².

Também foram feitas comparações de sequências do DNA de frangos com os de codornas, pelo alinhamento de dados de microssatélites e utilização de mapas com marcadores AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism* - Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados). Estes resultados com os marcadores microssatélites e AFLP, juntamente com trabalhos utilizando FISH (*Fluorescence In Situ Hybridization* - Hibridização fluorescente *in situ*), confirmaram nível elevado de conservação entre as duas espécies. A disponibilidade de um mapa comparativo entre codornas e frangos poderá acelerar o estudo de mapeamento em codornas, facilitando transferências de informações de frangos para codornas ^{37,73}.

2. Marcadores genéticos

A maioria dos fenótipos de interesse tanto na agropecuária como no estudo da biologia evolutiva são afetados por um ou mais genes. Esse tipo de fenótipo é muito difícil de ser analisado usando-se os métodos de herança para caracteres quantitativos, pois o que se obtém na verdade são alguns poucos dados empíricos para tentar se entender a ação individual de cada gene ^{21,23}.

Marcadores genéticos são caracteres através dos quais se obtém informação sobre a variabilidade biológica dentro e entre populações ⁷⁴. Apresentam características qualitativas com herança mendeliana simples, facilmente reconhecida e cuja expressão não é influenciada pelo ambiente, partindo-se do pressuposto da sua neutralidade em relação à seleção natural, podendo apresentar padrão de herança dominante ou codominante ^{25-26,75}.

Os primeiros marcadores genéticos foram os morfológicos, associados a caracteres de fácil identificação visual. Com eles, os estudos de genética e melhoramento eram realizados a partir da associação de características morfológicas com genótipos de interesse, contribuindo para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para a construção das primeiras versões de mapas genéticos ^{20,24,75}. Apesar dos marcadores morfológicos terem sido um dos precursores dos primeiros estudos de genética, eles apresentavam muitas limitações quanto à quantidade de informações obtidas ^{20,76}.

Com a identificação e descrição da molécula de DNA e o consequente avanço da biologia molecular, surgiram os marcadores moleculares que hoje estão sendo usados para diversos estudos em diferentes áreas. Marcador molecular é todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA. São características de DNA que diferenciam dois ou mais indivíduos e são herdadas geneticamente ²⁴.

Os diferentes tipos de marcadores moleculares disponíveis apresentam ampla capacidade de amostragem do genoma, sendo muito utilizados para a avaliação da diversidade genética tanto para aplicações filogenéticas e evolutivas quanto para fins práticos em programas de melhoramento genético e na manutenção de bancos de germoplasma ^{21,25-26}. Eles apresentam várias vantagens sobre os marcadores morfológicos por fornecerem número ilimitado de polimorfismos distribuídos aleatoriamente ao longo de todo o genoma e por serem independentes dos efeitos ambientais e do estágio fisiológico, permitindo a identificação precisa e precoce dos genótipos de interesse ²¹.

Existem duas grandes classes de marcadores moleculares, os baseados em hibridização com o uso de enzimas de restrição e os baseados em PCR (Reação em Cadeia da Polimerase – *Polymerase Chain Reaction*). São exemplos de marcadores baseados em hibridização com o uso de enzimas de restrição o RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e os minissatélites ^{25,77}.

A técnica de PCR foi proposta por Kary Mullis em meados da década de 80, sendo uma metodologia para amplificação de fragmentos de DNA, que consiste na síntese enzimática de um segmento de DNA delimitado por um par de *primers* de sequências específicas de nucleotídeos de fita simples. *Primers* são sequências curtas, que pareiam com o DNA molde e servem de iniciadores para a síntese *in vitro* de uma nova fita de DNA. As reações ocorrem em ciclos alternados de temperatura, sendo que cada ciclo do PCR envolve três etapas: desnaturação, anelamento e extensão enzimática de pequenas moléculas de DNA de fita dupla. Na primeira ocorre a desnaturação da fita dupla de DNA, posteriormente, os primers se pareiam com as sequências complementares específicas que flanqueiam o sítio alvo, e então a nova fita de DNA é sintetizada a partir das extremidades 3'-OH livres dos primers por meio da enzima DNA polimerase. Como cada ciclo é repetido várias vezes, a amplificação do DNA-alvo ocorre em progressão geométrica, requerendo uma quantidade muito pequena de DNA molde. Assim a quantidade de DNA da sequência alvo dobra a cada ciclo, de modo que ao final da reação é produzido mais de um milhão de vezes a quantidade inicial da sequência alvo. Isso permite a visualização dos fragmentos amplificados através da eletroforese em gel de agarose ou poliacrilamida. Os marcadores baseados em PCR incluem o RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA* - Polimorfismo do DNA amplificado ao acaso), os Microsatélites ou STR (Repetições curtas em série - *Short Tandem Repeats*), o AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism* - Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados), entre outros ^{21,24,32}.

O genoma dos eucariontes abriga grande quantidade de DNA repetitivo, classificados de acordo com o número de nucleotídeos e a complexidade da sequência que compõe as repetições, se apresentando em diferentes classes ao longo do DNA, umas mais complexas e maiores como as que compõem os Minissatélites, e outras mais simples e menores denominadas Microsatélites ou STR ^{21,26,33}.

2.1 Marcadores Microsatélites

Os microsatélites são marcadores baseados em PCR cujos iniciadores possuem sequências conhecidas. As regiões microsatélites são pequenas sequências não codificadoras de DNA, compostas de um a seis nucleotídeos repetidos em série. São abundantes e dispersas ao longo do genoma de eucariotos, com ocorrência em diferentes regiões genômicas, com taxas que variam entre os grupos de organismos ⁷⁸⁻⁸¹, ocorrendo com frequência cerca de 57 vezes mais baixa em genomas de aves do que em mamíferos ⁸²⁻⁸⁴, sendo que a ocorrência de regiões microsatélites tende a diminuir com o aumento do tamanho dos motivos que o compõem ⁸⁵.

Estudos tem mostrado que a distribuição não aleatória dos microsatélites no genoma dos organismos pode estar relacionada a importantes funções no que diz respeito ao controle da expressão gênica ^{81,86}.

Os diferentes alelos de um loco microsatélite distinguem-se uns dos outros pelo número de unidades (motivos) de repetição que apresentam nos cromossomos homólogos ²¹. Normalmente, os locos microsatélites exibem grande quantidade de alelos que faz com que eles sejam especialmente úteis para análises de identificação individual e em estudos genético populacionais de modo geral ^{85,87-88}, em função da alta taxa de mutação destas regiões que variam entre 10^{-2} a 10^{-6} nucleotídeos por loco por geração ⁸⁹.

Existem vários modelos que procuram explicar os mecanismos de mutação em regiões microsatélites, dentre os quais se podem citar: o modelo de alelos infinitos, em que qualquer alelo pode surgir aleatoriamente, a partir de outro preexistente, e com a mesma taxa de mutação; o modelo *stepwise* em que um alelo surge pelo ganho ou perda de um motivo, sendo que estes alelos são tanto mais parecidos quanto mais parecidos forem seus tamanhos; o modelo *two phase* que surgiu como uma extensão do modelo *stepwise*, e prediz que a maioria dos eventos mutacionais resulta do aumento ou diminuição de um único motivo e que as alterações envolvendo muitos motivos de uma só vez são muito raras; o modelo *k-alleles* que assume que existem exatamente k alelos possíveis em um dado loco e que a probabilidade de um alelo mutar é dada por $\mu/(k-1)$, em que μ é a taxa de mutação ^{87,90}. A aplicação ou adequação de cada um destes modelos para estudos com marcadores microsatélites tem uma relação com a composição do motivo de repetição (di, tri, tetra etc) e com o tamanho das repetições em série ⁹¹.

O polimorfismo de um determinado loco STR depende do número de sequências repetidas. Assim, os diferentes alelos de um loco distinguem-se pela diferença no número de unidades de repetição ^{21,32-33}. Como a diferença entre os alelos, geralmente é pequena, sua detecção é feita por eletroforese em gel desnaturante de poliacrilamida ou agarose de alta resolução ^{21,30,32-33,92}. São tipicamente codominantes, altamente multialélicos, apresentando o maior conteúdo informativo de polimorfismo por loco entre todas as classes de marcadores moleculares ³⁰.

Em relação à estrutura, eles podem ser agrupados em três tipos principais, de acordo com o número de nucleotídeos repetidos. Os dinucleotídeos representam a grande maioria dos STR utilizados, e sua densidade varia amplamente entre as espécies animais e vegetais. As unidades repetidas mais comuns no reino animal para este tipo são CA. Os trinucleotídeos também são comuns em plantas e animais, mas o tamanho e o polimorfismo destas repetições são semelhantes aos dinucleotídeos. Para os tetranucleotídeos, um grande número de repetições GATA/GACA pode ocorrer em organismos superiores e mesmo apresentando um alto grau de polimorfismo, eles são raramente usados em estudos de populações ^{24,30,90}.

Os marcadores microssatélites são classificados como perfeitos, imperfeitos, interrompidos ou compostos de acordo o tipo de sequência repetida que os compõe. Nos microssatélites perfeitos a sequência de repetição não é interrompida por nenhuma base diferente das que compõem seu motivo (por exemplo, TATATATATATATATA) enquanto que nos imperfeitos verifica-se uma base diferente entre os motivos de repetição (por exemplo, TATATATACTATATA). Nos microssatélites interrompidos são verificadas uma pequena sequência dentro da sequência repetitiva diferente da do seu motivo (por exemplo, TATATACGTGTATATATATA), enquanto que os microssatélites compostos são formados por sequências repetitivas adjacentes com diferentes composições de motivos (por exemplo, TATATATATAGTGTGTGTGT) ^{87,90}.

O maior problema da utilização destes marcadores reside no fato de que os primers utilizados apresentam diferentes comprimentos e composição de nucleotídeos, o que gera a necessidade de otimizar programas de PCR para cada loco ⁹³.

Outra característica deste marcador é a presença de alelos nulos, que pode resultar em um falso resultado de homozigose. Para confirmar esta hipótese seria necessário checar as progênes dos animais analisados, para detectar se esta alta quantidade

de homozigotos está ocorrendo pela presença de alelos nulos ou se realmente estes animais são homozigotos para este loco⁹⁴⁻⁹⁵.

Os alelos nulos podem acontecer em qualquer fase do ciclo de vida, devido a substituições, inserções ou deleções de nucleotídeos em regiões que flanqueiam as regiões microssatélites. Quando isso ocorre, não há ligação do primer, consequentemente esta região não é amplificada, não podendo ser detectada por PCR. Se ocorrer na fase adulta do indivíduo, só será transmitido aos descendentes se estiver em células sexuais^{30,95}.

É difícil de descobrir a existência de alelos nulos quando sua frequência na população é baixa ou quando não tem informação segura da genealogia. Nos casos de verificação de paternidades, pode-se suspeitar da presença de alelos nulo em um marcador quando todos os outros marcadores apontarem um progenitor e este marcador homozigoto excluir este progenitor. Alelos nulos podem levar a interpretações errôneas e excluir animais como possíveis progenitores em uma análise de paternidade, mudando as estimativas de frequências alélicas nas populações. Outro modo de descobrir a presença de alelos nulos é a partir do cálculo do déficit de heterozigotos pelo equilíbrio Hardy-Weinberg⁹⁵⁻⁹⁶.

O fator limitante para o emprego da técnica de STR é a disponibilidade de informação a respeito das regiões que se repetem no genoma da espécie de interesse. Isso porque a obtenção das sequências dos *primers* que flanqueiam a região microssatélite pode ser gerada pelo sequenciamento do genoma da espécie que se pretende estudar. Outra opção é a obtenção de sequências depositadas em banco de dados públicos, como o *GenBank*. Se a sequência da região e/ou parte do genoma do organismo de interesse não estiver disponível, deve-se construir uma biblioteca genômica para isolar e caracterizar estas regiões repetitivas desta espécie^{30,32}.

A obtenção das regiões microssatélites envolve uma série de passos, sendo que o primeiro deles consiste na identificação das sequências, que podem ser obtidas diretamente de bibliotecas genômicas, bibliotecas de cDNA ou bibliotecas enriquecidas para sequências microssatélites^{79,97}. Depois que as regiões microssatélites são identificadas, o próximo passo é o desenho e síntese de primers específicos, construídos com base na sequência de pares de bases que flanqueiam as regiões das SSR. Existem outras estratégias que permitem a obtenção de dados de sequências de forma mais eficiente e rápida, como por exemplo, a transferibilidade de pares de primers já disponíveis de algumas espécies para espécies próximas^{24,30,32,98}.

Estudos de transferibilidade de marcadores microssatélites de frangos para codornas japonesas mostraram que a maioria dos marcadores de frango não são úteis para estudos de codornas, sugerindo o desenvolvimento de marcadores específicos para codornas, em vez de tentar transferir marcadores de frangos⁹⁹⁻¹⁰⁰. De quarenta e oito pares de primers testados, vinte oito amplificaram. Destes, dezessete produziram amplificação não específica e onze geraram produtos específicos, sendo oito polimórficos e três monomórficos em quatro populações de codornas japonesas⁹⁹. INOUE-MURAYAMA et al.¹⁰⁰ testaram cento e vinte marcadores microssatélites, destes, 26% apresentaram amplificação e 65% apresentaram polimorfismo.

Além dos marcadores transferidos, foram desenvolvidos um total de 100 marcadores microssatélites para codorna japonesa^{58,101}. Eles foram avaliados numa população de vinte codornas não relacionados e noventa e oito marcadores foram polimórficos¹⁰¹.

3. Aplicações dos marcadores moleculares no melhoramento animal

Os marcadores genéticos são ferramentas com imenso potencial para pesquisa básica ou aplicada, tendo sido utilizados para caracterização de populações naturais e domésticas, diagnóstico e controle de doenças genéticas, sinalização de genes de resistência a doenças, insetos e pragas, teste de paternidade, identificação e proteção de espécies, associação com regiões genômicas que afetam a heterose, certificação de pureza genética, monitoramento de cruzamentos, seleção de genitores, estudos de diversidade e distância genética, reconstituição de pedigrees, seleção de resistência a patógenos, construção de mapas genéticos, mapeamento de locos de herança simples, mapeamento de características de herança quantitativa, melhoramento genético assistido por marcadores, clonagem de genes baseada em mapeamento, processos forenses, entre outros^{21,23,26,33-36,102-104}.

A utilização de teste de paternidade, determinando o vínculo genético de filiação, é de fundamental importância para o melhoramento. As análises de vínculo genético ou testes de paternidade ficaram muito mais confiáveis com o advento dos marcadores moleculares, especialmente os baseados em PCR, pois possibilitaram acessar o

polimorfismo diretamente ao nível do DNA. Assim, praticamente qualquer caso de paternidade pode ser resolvido ^{21,33-35,102-103}.

Os marcadores moleculares podem ser usados como auxiliares para pesquisas em diferentes campos, para conservação de espécies, estimar os níveis de heterozigosidade e relacioná-los com parâmetros importantes na sobrevivência das espécies, como eficiência reprodutiva e resistência a doenças, analisar estruturas familiares e identificar a origem de produtos industrializados para controlar a comercialização fraudulenta de espécies de venda proibida ou restrita ¹⁰⁵.

A caracterização molecular de bancos de germoplasma é de grande importância como subsídio para coleta, preservação e uso da variabilidade genética. Conhecer geneticamente o material coletado e principalmente utilizá-lo em programas de melhoramento é, sem dúvida, um desafio tão importante quanto à própria tarefa de coletá-lo e mantê-lo. O próprio conceito de coleção só faz sentido pelo uso atual ou futuro do material colecionado, sendo sua importância maior quanto maior e mais rica for a coleção ²¹.

Os marcadores moleculares são de grande importância para a caracterização de populações naturais, pois estabelecem relações filogenéticas entre os diferentes níveis hierárquicos (gênero, espécies, raças) a fim de esclarecer a história evolutiva das populações e estabelecer critérios adequados para a sua preservação e/ou utilização ^{33,105}. Na caracterização de populações de animais domésticos, estabelecem a influência do ambiente e processos de seleção artificial sobre sua composição genética, bem como determinam as respectivas distâncias genéticas para permitir a otimização dos processos de cruzamento baseados na exploração da heterose ^{21,33}.

A quantificação da variabilidade genética pode ter diversas aplicações práticas, principalmente no melhoramento genético animal ou vegetal. Uma vez caracterizado o germoplasma disponível, o melhorista pode escolher os progenitores para um cruzamento tanto com o objetivo de maximizar a segregação de genes de importância como restringir esta segregação a poucos genes. Além da escolha dos progenitores, é possível identificar os recombinantes desejados ^{21,103}. Isto pode ser feito com o uso de marcadores específicos para se realizar o monitoramento da recuperação do genoma do pai doador nos cruzamentos podendo diminuir o tempo e a quantidade de trabalho necessário para a introgressão de um a poucos genes ³³.

O principal objetivo do melhoramento animal é identificar os indivíduos que possuam genótipos considerados superiores para uma dada característica, multiplicando e distribuindo-os em populações diversas. Contudo, a maioria das características economicamente importantes em animais de produção tem herança quantitativa e é afetada por fatores ambientais, apresentando baixas herdabilidades, sendo de difícil seleção por métodos tradicionais. Para a maioria dessas características quantitativas, poucas informações existem sobre o número, posição cromossômica, magnitude do efeito e interação dos locos que controlam a sua expressão. Assim, com a utilização de marcadores moleculares, juntamente com os métodos tradicionais, os genótipos considerados superiores podem ser identificados ³³.

Os marcadores moleculares podem auxiliar os melhoristas e criadores na seleção de reprodutores e em estratégias de acasalamento com o objetivo de maximizar o ganho genético, no curto prazo, e preservar a diversidade genética da população, no longo prazo, permitindo a determinação do potencial genético de um animal com maior precisão, podendo aumentar ainda mais o progresso genético que vem sendo observado, pois independem da influência do ambiente, podendo ser utilizados precocemente, inclusive na fase embrionária ²⁶. Eles podem, ainda, ser relacionados às características de interesse, que geralmente são oriundas da expressão de vários genes ao mesmo tempo (QTL - *Quantitative Trait Loci* - Locos de Características Quantitativas). Se genes afetando uma característica quantitativa (QTL) ou qualitativa estiverem num segmento cromossômico próximo àquele marcador, o monitoramento da segregação do polimorfismo pode permitir inferência indireta da presença do QTL e o valor fenotípico a ser esperado para a característica quantitativa ³³.

Com o desenvolvimento de técnicas de sequenciamento do genoma, foi possível estudar com mais precisão os efeitos dos genes envolvidos nas características quantitativas nos organismos, demonstrando a possibilidade de mapeamento de QTL, uma região do genoma onde podem estar inseridos um ou mais genes associados a características de interesse econômico. Assim, os marcadores e os mapas de ligação têm permitido que locos que afetam características quantitativas e qualitativas (QTL ou genes de efeito maior), sejam mapeados ³³.

No caso do melhoramento animal, as duas abordagens principais são a identificação de QTL por meio de estudos de associação envolvendo genes candidatos e por mapas de ligação com marcadores. O uso de mapeamento de QTL conduz a resultados

diretamente aplicáveis na seleção assistida por marcadores (SAMB), tornando o mapeamento por ligação tão atrativo quanto à abordagem de gene candidato ²⁶.

Esse grande desenvolvimento de técnicas moleculares, estatísticas e computacionais possibilitou grande avanço das análises genéticas populacionais e em estudos de ligação ⁸²⁻⁸³

Os microssatélites são importantes no estudo de características de cunho econômico, pois aparentemente não exercem nenhum efeito sobre a característica. Todavia, se ele estiver localizado perto de um gene funcional importante, ele tende a ser herdado conjuntamente. Assim, por meio da identificação dos microssatélites teremos boa chance de inferir quais indivíduos possuem o gene desejável. Esses marcadores têm sido avaliados em diversas espécies, incluindo as de interesse zootécnico ^{21,33}.

No Brasil, os programas de melhoramento genético de codorna são ainda incipientes, sendo que, a prática corrente tem sido a reprodução do material genético disponível. Entre os programas de melhoramento de codornas, no Brasil, pode-se citar o da Universidade Estadual de Maringá, em que foi conduzido um estudo de diversidade genética entre três linhagens de codorna selecionadas para produção de ovos, utilizando marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA* - Polimorfismo do DNA amplificado ao acaso). Os resultados sugerem que a diversidade genética dentro e entre as linhagens de codornas são promissoras para uso em programas de melhoramento ¹⁰⁶.

Diversos estudos têm sido conduzidos com o objetivo de associação entre polimorfismos genéticos e características de importância econômica. Atualmente existem diversos marcadores de regiões microssatélites disponíveis para codornas que foram utilizados principalmente para a construção de mapas de ligação e QTL's em plantéis da França e Japão ^{37-42,107}. Além de estudos com mapas e QTL's utilizando marcadores AFLP ^{41,43-44,108}.

ESMAILIZADEH et al. ¹⁰⁹ utilizaram oito marcadores microssatélites em três famílias de meios-irmãos de uma linhagem comercial de codornas e encontraram QTL's altamente significativos no cromossomo 1, afetando o crescimento.

Oito QTL's foram encontrados em cinco cromossomos autossômicos, seis estavam associados com características de produção de ovos ¹¹⁰. Foram construídos alguns mapas de ligação de codorna japonesa, um com 432 marcadores de AFLP, com comprimento total de 1.516 cm e comprimento genético médio de 7,6 cM ⁴³, outro com 72 marcadores microssatélites, com comprimento total de 576 cm e comprimento genético

médio de 10 cM ³⁸, outro para a doença genética distrofia muscular, incluindo 1.735 marcadores AFLP e nove marcadores microssatélites de galinhas, sendo esse o mais denso, com um comprimento total de 2.816 cM ⁴¹.

Foram encontrados genes portadores de mutações causais para cores de plumagem, como TYRP1 para a plumagem ruiva ¹¹¹, ASIP para a plumagem amarela ¹¹² e para plumagens recessivas negras ¹¹³. Os mapas de codorna existentes foram integrados e alinhados com a sequências de frangos ³⁷, assim confirmando alto grau de conservação, devido ao nível elevado de homologia observado entre as duas espécies ^{73,114}.

Foi desenvolvido um painel de SNPs (*Single nucleotide polymorphisms* – polimorfismos de base única), no cromossomo 1, em cruzamentos F₂ de codornas, a fim de mapear QTL para a duração da imobilidade tônica, que é considerado como uma medida de medo, representando um comportamento anti-predação, que interfere nas características de desempenho. Este estudo levou a um gene candidato, como sendo, em parte responsável pela variabilidade de imobilidade tônica em codorna japonesa ¹¹⁵.

REFERÊNCIAS

1. OLIVEIRA E, ALMEIDA M, MENDES A, et al. Desempenho produtivo de codornas de ambos os sexos para corte alimentadas com dietas com quatro níveis protéicos. *Archives of Veterinary Science* 2002;7:75-80.
2. Freitas AC, Fuentes MFF, Freitas ER, et al. Efeito de níveis de proteína bruta e de energia metabolizável na dieta sobre o desempenho de codornas de postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2005;34.
3. Teixeira BB, Teixeira RB, Silva LP, et al. Estimação dos componentes de variância para as características de produção e de qualidade de ovos em matrizes de codorna de corte. *Ciência Rural* 2012;42:713-717.
4. Mills AD, Crawford LL, Domjan M, et al. The behavior of the Japanese or domestic quail *Coturnix japonica*. *Neuroscience & Biobehavioral Reviews* 1997;21:261-281.
5. Schmid I, Wechsler B. Behaviour of Japanese quail (*Coturnix japonica*) kept in semi-natural aviaries. *Applied Animal Behaviour Science* 1997;55:103-112.

6. Sakamoto MI, Murakami AE, SOUZA L, et al. Valor energético de alguns alimentos alternativos para codornas japonesas. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2006;35:818-821.
7. Barreto SLT, Pereira CA, Umigi RT, et al. Determinação da exigência nutricional de cálcio de codornas japonesas na fase inicial do ciclo de produção. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2007;36:68-78.
8. Oliveira NTE, Silva MA, Soares RTRN, et al. Exigências de proteína bruta e energia metabolizável para codornas japonesas criadas para a produção de carne. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2002;31.
9. Pinto R, Ferreira AS, Albino LFT, et al. Níveis de proteína e energia para codornas japonesas em postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2002;31:1761-1770.
10. Sharma D, Rao KBCA, Totey S. Measurement of within and between population genetic variability in quails. *British Poultry Science* 2000;41:29-32.
11. Leandro NSM, Vieira NS, Matos MS, et al. Desempenho produtivo de codornas japonesas (*Coturnix coturnix japonica*) submetidas a diferentes densidades e tipos de debicagem. *Acta Scientiarum. Animal Sciences* 2005;27:129-135.
12. Minvielle F. The future of Japanese quail for research and production. *World's Poultry Science Journal* 2004;60:500-507.
13. Móri C, Garcia EA, Pavan AC, et al. Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para produção de carne. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2005;34:870-876.
14. IBGE. Produção da Pecuária Municipal: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2010;1-65.
15. Costa CHR, BARRETO S, Moura WCO, et al. Níveis de fósforo e cálcio em dietas para codornas japonesas em postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2007;36:2037-2046.
16. Dionello N, Correa G, Silva M, et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* 2008;60:454-460.
17. Falconer DS. *Introdução à genética quantitativa*. Trad. SILVA, M.A. & SILVA, J.C. Viçosa: UFV, 1987.
18. Costa CHR, BARRETO S, MESQUITA FILHO R. Avaliação do desempenho e da qualidade dos ovos de codornas de corte de dois grupos genéticos. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2008;37:1823-1828.

19. Teixeira BB, Euclydes RF, Teixeira RB, et al. Características quantitativas em matrizes de codorna de corte através de análises multicaracterística. *Ciência Rural* 2012;42:2259-2264.
20. Alfenas AC, Peters I, Brune W, et al. *Eletroforese de proteínas e isoenzimas de fungos e essências florestais*. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1991.
21. Ferreira ME, Grattapaglia D. *Introdução ao uso de marcadores moleculares em análises genética*. 3 ed. Brasília-DF: Embrapa, 1998.
22. Griffiths AJF, Wessler SR, Lewontin R, et al. *Introdução a Genética*. 8 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2006.
23. Hillis DM, Moritz C, Mable BK. *Molecular systematics*. Massachusetts: Sinauer Associates, Inc., 1996.
24. Regitano L. Introdução à análise de marcadores moleculares In: Regitano L, Coutinho L, eds. *Biologia molecular aplicada à produção animal*. Brasília, Brasil: Embrapa Informação Tecnológica, 2001;25-39.
25. FUNGARO M, VIEIRA M. Marcadores Moleculares In: SERAFINI LB, NM; AZEVEDO, JL ed. *Biotecnologia na agricultura e na agroindústria*: Guaíba: Livraria e Editora Agropecuária,, 2001;153-197.
26. REGITANO LCA, COUTINHO LL. *Biologia molecular aplicada à produção animal*. Brasília-DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2001.
27. Lesk AM. *Introdução à bioinformática*. 2ª ed. Porto Alegre: Artmed, 2008.
28. CAIXETA ET, OLIVEIRA ACB, BRITO GG. Tipos de marcadores moleculares In: BORÉM A, CAIXETA ET, eds. *Marcadores moleculares*. Viçosa: UFV, 2006;9-78.
29. Seeb J, Carvalho G, Hauser L, et al. Single-nucleotide polymorphism (SNP) discovery and applications of SNP genotyping in nonmodel organisms. *Molecular Ecology Resources* 2011;11:1-8.
30. Chambers GK, MacAvoy ES. Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology* 2000;126:455-476.
31. Lanza M, Guimarães C, Schuster I. Aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético. *Informe agropecuário* 2000;21.
32. MATIOLI SR, PASSOS-BUENO MRS. Métodos baseados em PCR para análise de polimorfismos de ácidos nucléicos In: MATIOLI S, ed. *Biologia Molecular e Evolução*. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001;153-161.

33. Oliveira J, Henkes L. Marcadores moleculares em reprodução animal In: GONSALVES PF, JR; FREITAS, VJF, ed. *Biotécnicas aplicadas à reprodução animal*. São Paulo: Varela Editora e Livraria, 2002;261-279.
34. Jones AG, Ardren WR. Methods of parentage analysis in natural populations. *Molecular Ecology* 2003;12:2511-2523.
35. JONES AG, SMALL CM, PACZOLT KA, et al. A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources* 2010;10:6-30.
36. Jones O, Wang J. Molecular marker-based pedigrees for animal conservation biologists. *Animal Conservation* 2010;13:26-34.
37. Kayang B, Fillon V, Inoue-Murayama M, et al. Integrated maps in quail (*Coturnix japonica*) confirm the high degree of synteny conservation with chicken (*Gallus gallus*) despite 35 million years of divergence. *BMC genomics* 2006;7:101.
38. Kayang B, Vignal A, Inoue-Murayama M, et al. A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Animal Genetics* 2004;35:195-200.
39. Mannen H, Murata K, Kikuchi S, et al. Development and mapping of microsatellite markers derived from cDNA in Japanese quail (*Coturnix japonica*). *The Journal of Poultry Science* 2005;42:263-271.
40. Minvielle F, Gourichon D, Moussu C. Two new plumage mutations in the Japanese quail. *BMC genetics* 2005;6:14.
41. Kikuchi S, Fujima D, Sasazaki S, et al. Construction of a genetic linkage map of Japanese quail (*Coturnix japonica*) based on AFLP and microsatellite markers. *Animal Genetics* 2005;36:227-231.
42. Miwa M, Inoue-Murayama M, Kayang B, et al. Mapping of plumage colour and blood protein loci on the microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Animal Genetics* 2005;36:396-400.
43. Roussot O, Fève K, Plisson-Petit F, et al. AFLP linkage map of the Japanese quail *Coturnix japonica*. *Genetics Selection Evolution* 2003;35:559-572.
44. Beaumont C, Roussot O, Fève K, et al. A genome scan with AFLPTM markers to detect fearfulness-related QTLs in Japanese quail. *Animal Genetics* 2005;36:401-407.
45. Lush JL. Animal breeding plans. *Animal breeding plans*. 1943.
46. Breda FC, Euclides RF, Pereira CS, et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2004;33:2017-2025.

47. Chang G, Chang H, Liu X, et al. Genetic diversity of wild quail in China ascertained with microsatellite DNA markers. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences* 2007;20:1783.
48. Kim SH, Cheng KMT, Ritland C, et al. Inbreeding in Japanese quail estimated by pedigree and microsatellite analyses. *Journal of Heredity* 2007;98:378.
49. Farrag S, Tanatarov A, Soltan M, et al. Microsatellite Analysis of Genetic Diversity in Three Populations of Japanese Quail (*Coturnix coturnix japonica*) from Kazakhstan. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 2011;10:2376-2383.
50. Emrani H, Amirinia C, Arbabe MAR. Genetic variation and bottleneck in Japanese quail (*Coturnix japonica*) strains using twelve microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology* 2011;10:4289-4295.
51. Vali N. The Japanese quail: A review. *International Journal of Poultry Science* 2008;7:925-931.
52. MIZUTANI M. The Japanese Quail In: Chang HL, Huang YC, eds. *The Relationship Between Indigenous Animals and Humans in the APEC Region*. Tainan: Chinese Society of Animal Science, 2003;143-163.
53. Kimball RT, Mary CMS, Braun EL. A Macroevoolutionary Perspective on Multiple Sexual Traits in the Phasianidae (Galliformes). *International journal of evolutionary biology* 2011;2011.
54. Ball GF, Balthazart J. Japanese quail as a model system for studying the neuroendocrine control of reproductive and social behaviors. *ILAR Journal* 2010;51:310-325.
55. Deregnaucourt S, Guyomarc'h JC. Mating call discrimination in female European (*Coturnix c. coturnix*) and Japanese Quail (*Coturnix c. japonica*). *Ethology* 2003;109:107-119.
56. Padgett CA, Ivey WD. Coturnix quail as a laboratory research animal. *Science* 1959;129:267-268.
57. Buchwalder T, Wechsler B. The effect of cover on the behaviour of Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Applied Animal Behaviour Science* 1997;54:335-343.
58. Kayang B, Inoue-Murayama M, Nomura A, et al. Brief communication. Fifty microsatellite markers for Japanese quail. *Journal of Heredity* 2000;91:502-505.
59. Wilson WO, Abbott UK, Abplanalp H. Evaluation of *Coturnix* (Japanese quail) as pilot animal for poultry. *Poultry science* 1961;40:651-657.

60. Poynter G, Huss D, Lansford R. Japanese quail: An efficient animal model for the production of transgenic avians. *Cold Spring Harbor Protocols* 2009;2009:pdb. emo112.
61. DEREIGNAUCOURT S, GUYOMARC'H JC, AEBISCHER NJ. Hybridization between European quail *Coturnix coturnix* and Japanese quail *Coturnix japonica*. *Ardea* 2002;90:15-21.
62. Deregnaucourt S, GUYOMARC'H JC, Belhamra M. Comparison of migratory tendency in European Quail *Coturnix c. coturnix*, domestic Japanese Quail *Coturnix c. japonica* and their hybrids. *Ibis* 2005;147:25-36.
63. Allendorf FW, Leary RF, Spruell P, et al. The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends in Ecology & Evolution* 2001;16:613-622.
64. Barilani M, Deregnaucourt S, Gallego S, et al. Detecting hybridization in wild (*Coturnix c. coturnix*) and domesticated (*Coturnix c. japonica*) quail populations. *Biological conservation* 2005;126:445-455.
65. Deregnaucourt S, Mitra P, Feher O, et al. Song development: in search of the error-signal. *Annals of the New York Academy of Sciences* 2004;1016:364-376.
66. Huxel GR. Rapid displacement of native species by invasive species: effects of hybridization. *Biological conservation* 1999;89:143-152.
67. Deregnaucourt S, Guyomarc'h JC, Spano S. Behavioural evidence of hybridization (Japanese × European) in domestic quail released as game birds. *Applied Animal Behaviour Science* 2005;94:303-318.
68. Amaral AJ, Silva AB, Grosso AR, et al. Detection of hybridization and species identification in domesticated and wild quails using genetic markers. *Folia Zoologica* 2007;56:285.
69. Sanchez-Donoso I, Vilà C, Puigserver M, et al. Are Farm-Reared Quails for Game Restocking Really Common Quails (*Coturnix coturnix*)?: A Genetic Approach. *PloS one* 2012;7:e39031.
70. Chazara O, Minvielle F, Roux D, et al. Evidence for introgressive hybridization of wild common quail (*Coturnix coturnix*) by domesticated Japanese quail (*Coturnix japonica*) in France. *Conservation Genetics* 2010;11:1051-1062.
71. Puigserver M, Vinyoles D, Rodríguez-Teijeiro JD. Does restocking with Japanese quail or hybrids affect native populations of common quail *Coturnix coturnix*? *Biological conservation* 2007;136:628-635.

72. Nishibori M, Hayashi T, Tsudzuki M, et al. Complete sequence of the Japanese quail (*Coturnix japonica*) mitochondrial genome and its genetic relationship with related species. *Animal Genetics* 2001;32:380-385.
73. Gruszczyńska J, Michalska E. Application of chicken microsatellite markers to molecular monitoring of the experimental population of Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Animal Science Papers and Reports* 2013;31:73-84.
74. Meyer D. *Árvores evolutivas humanas: Uma discussão sobre inferência filogenética*. Série Monografias, vol. 3. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1995.
75. Robinson I. Aloenzimas na genética de populações de plantas In: Alfenas C, Peters I, Brune W, et al., eds. *Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos*. Viçosa, MG: UFV, 1998;329-368.
76. Solferini V, SCHEEPMAKER DS. Polimorfismos de isozimas In: Mاتيoli S, ed. *Biologia Molecular e Evolução*. Ribeirão Preto: Holos Press, 2001;137-142.
77. ARIAS MC, INFANTE-MALACHIAS MER. O emprego de enzimas de restrição para detecção de polimorfismos no DNA In: MATIOLI S, ed. *Biologia Molecular e Evolução*. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001;143-152.
78. Toth G, Gaspari Z, Jurka J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. *Genome Research* 2000;10:967-981.
79. Zane L, Bargelloni L, Patarnello T. Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular Ecology* 2002;11:1-16.
80. Li YC, Korol AB, Fahima T, et al. Microsatellites within genes: structure, function, and evolution. *Molecular biology and evolution* 2004;21:991-1007.
81. Li YC, Korol AB, Fahima T, et al. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Molecular Ecology* 2002;11:2453-2465.
82. Primmer CR, Raudsepp T, Chowdhary BP, et al. Low frequency of microsatellites in the avian genome. *Genome Research* 1997;7:471-482.
83. Smith J, Bruley C, Paton I, et al. Differences in gene density on chicken macrochromosomes and microchromosomes. *Animal Genetics* 2000;31:96-103.
84. Neff BD, Gross MR. Microsatellite evolution in vertebrates: inference from AC dinucleotide repeats. *Evolution* 2001;55:1717-1733.
85. Sharma PC, Grover A, Kahl G. Mining microsatellites in eukaryotic genomes. *TRENDS in Biotechnology* 2007;25:490-498.

86. Kashi Y, King DG. Simple sequence repeats as advantageous mutators in evolution. *TRENDS in Genetics* 2006;22:253-259.
87. Oliveira EJ, Pádua JG, Zucchi MI, et al. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genetics and Molecular Biology* 2006;29:294-307.
88. Selkoe KA, Toonen RJ. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology letters* 2006;9:615-629.
89. Goldstein DB, Scholotter C. *Microsatellites: Evolution and Applications*. New York: Oxford University Press, 1999.
90. Jarne P, Lagoda PJJ. Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends in Ecology & Evolution* 1996;11:424-429.
91. Ellegren H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics* 2004;5:435-455.
92. MacHugh D, Loftus R, Cunningham P, et al. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Animal Genetics* 1998;29:333-340.
93. Ogliari JB, Boscariol RL, Camargo LEA. Optimization of PCR amplification of maize microsatellite loci. *Genetics and Molecular Biology* 2000;23:395-398.
94. Moazami-Goudarzi K, Furet J, Grosclaude F, et al. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics* 1997;28:338-345.
95. Dakin E, Avise J. Microsatellite null alleles in parentage analysis. *Heredity* 2004;93:504-509.
96. Aranguren-Méndez J, Román-Bravo R, Isea W, et al. Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: una revisión. *Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal* 2005;13:1-6.
97. Gao L, Tang J, Li H, et al. Analysis of microsatellites in major crops assessed by computational and experimental approaches. *Molecular Breeding* 2003;12:245-261.
98. Brondani RPV, Brondani C, Grattapaglia D. *Manual para o desenvolvimento de marcadores microsatélites em plantas*. Brasília-DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2007.
99. Pang S, Ritland C, Carlson J, et al. Japanese quail microsatellite loci amplified with chicken-specific primers. *Animal Genetics* 1999;30:195-199.
100. Inoue-Murayama M, Kayang B, Kimura K, et al. Chicken microsatellite primers are not efficient markers for Japanese quail. *Animal Genetics* 2001;32:7-11.

101. Kayang BB, Inoue-Murayama M, Hoshi T, et al. Microsatellite loci in Japanese quail and cross-species amplification in chicken and guinea fowl. *Genetics Selection Evolution* 2002;34:233-254.
102. Gholizadeh M, Mianji GR. Use of microsatellite markers in poultry research. *International Journal of Poultry Science* 2007;6:145-153.
103. Queller DC, Strassmann JE, Hughes CR. Microsatellites and kinship. *Trends in Ecology & Evolution* 1993;8:285-288.
104. Sanz N, Araguas RM, Fernández R, et al. Efficiency of markers and methods for detecting hybrids and introgression in stocked populations. *Conservation Genetics* 2009;10:225-236.
105. Solé-Cava AM. Biodiversidade molecular e genética da conservação In: Matioli SR, ed. *Biologia Molecular e Evolução*. Ribeirão Preto: Holos, 2001;172-192.
106. Prioli R, Gasparino E, Soares M, et al. Diversidade genética entre três linhagens de codorna selecionadas para produção de ovos. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* 2010;62.
107. Sohrabi S, Esmailizadeh A, Baghizadeh A, et al. Quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits in an F2 intercross between two strains of Japanese quail. *Animal Production Science* 2012.
108. Shimogiri T, Yamakawa T, Isobe H, et al. Detection of a Polymorphism Associated with Shank Length and Body Weight in Japanese Quail (*Coturnix japonica*) by AFLP. *The Journal of Poultry Science* 2011;1110120131.
109. Esmailizadeh A, Baghizadeh A, Ahmadizadeh M. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. *Animal Production Science* 2012.
110. Minvielle F, Kayang B, Inoue-Murayama M, et al. Search for QTL affecting the shape of the egg laying curve of the Japanese quail. *BMC genetics* 2006;7:26.
111. Nadeau N, Mundy N, Gourichon D, et al. Association of a single-nucleotide substitution in TYRP1 with roux in Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Animal Genetics* 2007;38:609-613.
112. Nadeau NJ, Minvielle F, Ito S, et al. Characterization of Japanese quail yellow as a genomic deletion upstream of the avian homolog of the mammalian ASIP (agouti) gene. *Genetics* 2008;178:777-786.

113. Hiragaki T, Inoue-Murayama M, Miwa M, et al. Recessive black is allelic to the yellow plumage locus in Japanese quail and associated with a frameshift deletion in the ASIP gene. *Genetics* 2008;178:771-775.
114. Shibusawa M, Minai S, Nishida-Umehara C, et al. A comparative cytogenetic study of chromosome homology between chicken and Japanese quail. *Cytogenetic and Genome Research* 2001;95:103-109.
115. Frésard L, Leroux S, Dehais P, et al. Fine mapping of complex traits in non-model species: using next generation sequencing and advanced intercross lines in Japanese quail. *BMC genomics* 2012;13:551.

CAPÍTULO 2 – DIVERSIDADE GENÉTICA, ENDOGAMIA E VÍNCULO GENÉTICO EM PROGÊNIOS DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)

Resumo

O objetivo deste estudo foi utilizar marcadores microssatélites para estimar diversidade genética, endogamia e realizar análises de vínculo genético em codornas. Para o desenvolvimento do trabalho foi instalado um experimento com sete gaiolas contendo seis fêmeas e dois machos, obtendo-se aproximadamente 96 progênies por gaiola. A genotipagem dos indivíduos foi realizada em sequenciador automático de DNA. Os genótipos foram utilizados para realização das análises de diversidade genética, vínculo genético e cálculo do coeficiente de endogamia nas duas gerações. Considerando a geração parental foi encontrada alta probabilidade de exclusão de paternidade combinada ($PE = 0,999956$), baixa probabilidade de identidade combinada ($PI = 1,47 \times 10^{-13}$) e frequência de alelos nulos próximas a zero. Os valores de heterozigosidade esperada (H_e) e observada (H_o) e conteúdo de informação polimórfica (PIC) foram iguais a 0,768, 0,766 e 0,734 respectivamente, indicando uma elevada diversidade genética. A diversidade genética foi mantida quando se avaliaram apenas as progênies ($H_e = 0,760$, $H_o = 0,757$ e $PIC = 0,725$). O coeficiente de endogamia médio (f) foi baixo e não significativo, assumindo valores iguais a 0,009 e -0,090 na geração parental e nas progênies, respectivamente. A análise de vínculo genético foi eficiente para atribuir a paternidade e maternidade para 97% das progênies. Esses resultados permitem concluir que o painel de 12 marcadores microssatélites utilizado nesse estudo é robusto para a realização de análises de vínculo genético e para estudos de variabilidade genética nesta espécie. Essas informações podem ser úteis em programas de melhoramento genético para *Coturnix japonica*.

Palavras-chave: Microssatélite, SSR, STR, variabilidade genética, paternidade.

CHAPTER 2 - GENETIC DIVERSITY, INBREEDING AND GENETIC LINK IN QUAILS (*Coturnix japonica*) PROGENY

Abstract

This study aimed to use microsatellite markers to estimate genetic diversity, inbreeding, and to perform analyzes of genetic links in quails. It was used seven cages containing six females, two males, and their progeny, approximately 96 per cage. Each individual was genotyped in an automated DNA sequencer. Genotypes were used to analyze genetic diversity, inbreeding and genetic link between the two generations. Considering the parental generation, it was found a high probability of combined paternity exclusion ($PE = 0.999956$), a low probability of combined identity ($PI = 1.47 \times 10^{-13}$), and a frequency of null alleles near to zero. The values of expected and observed heterozygosity (H_e and H_o) and polymorphism information content (PIC) were equal to 0.768, 0.766 and 0.734 respectively, which indicates a high genetic diversity. Genetic diversity was maintained when only the progenies were assessed ($H_e = 0.760$, $H_o = 0.757$ and $PIC = 0.725$). The inbreeding coefficient (f) was low and not significant, with values of 0.009 and -0.090 for parental generation and progeny, respectively. The analysis of genetic link was efficient to assign paternity and maternity to 97% of the progeny. These results indicate that this 12 microsatellite markers used are robust for the analysis of genetic relationships and genetic variability in this species. This information may be useful in future breeding programs for *Coturnix japonica*.

Key words: genetic variability, Microsatellite, parenthood, SSR, STR

Introdução

As codornas são originárias do norte da África, da Europa e da Ásia, pertencendo à família dos Fasianídeos (Phasianidae) e da subfamília dos Perdicionidae, sendo, portanto, da mesma família das galinhas domésticas e perdizes ¹⁻⁴.

Durante muitos anos, no cenário da produção avícola brasileira, a coturnicultura foi considerada como atividade alternativa para pequenos produtores. Entretanto, em função do potencial, sua exploração comercial cresceu e encontra-se em expansão ⁵⁻⁷. No entanto, para atingir maior produtividade torna-se necessário obter material genético de qualidade e, para isso, são necessários programas de melhoramento bem fundamentados ⁷⁻⁹. Para que esses programas sejam eficientes é necessário que haja variabilidade genética na espécie, e parte dessa variabilidade pode ser identificada com o auxílio dos marcadores moleculares.

Os marcadores moleculares baseados em PCR (Reação em Cadeia da Polimerase – *Polymerase Chain Reaction*) mais amplamente utilizados nos programas de melhoramento genético são os microssatélites ou STR (Repetições curtas em série - *Short Tandem Repeats*) e os SNPs (Single nucleotide polymorphisms – polimorfismos de base única) ¹⁰.

Os marcadores microssatélites utilizam - se de sequências conhecidas que flanqueiam as regiões microssatélites. Estas sequências são abundantes e dispersas ao longo do genoma de eucariotos, e normalmente apresentam alto nível de polimorfismo, sendo considerados bons marcadores. Por estas características, os marcadores microssatélites vem sendo utilizado nos últimos anos para a análise de vínculo genético, parentesco, endogamia, diversidade genética, introgressão e mapeamento genético ¹¹⁻¹⁶.

A utilização de teste de paternidade, determinando o vínculo genético de filiação, é de fundamental importância para o melhoramento. As análises de vínculo genético ou teste de paternidade ficaram muito mais confiáveis com o advento dos marcadores moleculares, especialmente os baseados em PCR, pois possibilitaram acessar o polimorfismo diretamente ao nível do DNA, assim, praticamente qualquer caso de paternidade pode ser resolvido ^{11-13,17-19}.

A endogamia é um sistema onde os acasalamentos se dão entre indivíduos aparentados, isto é, que tenham pelo menos um ancestral em comum, tendo como principal efeito genético o aumento da homozigose e, conseqüentemente, diminuição da heterozigose,

alterando assim, a frequência genotípica, apresentando indivíduos mais uniformes com diminuição da variação genética, podendo levar a sérios problemas reprodutivos e produtivos, provocados pela “depressão endogâmica” (FALCONER, 1987).

Entretanto, poucos estudos abordaram os efeitos da seleção na endogamia, na fixação de alelos e no limite da seleção. O conhecimento destes impactos é importante, visto que a depressão endogâmica na característica sob seleção tem importante efeito sobre a resposta à seleção a médio e longo prazo. Como consequências das elevadas taxas de endogamia, têm-se perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pela capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica. A redução da endogamia apresenta como vantagens, melhor uso da variabilidade genética disponível na população e diminuição na depressão causada pela própria endogamia com relação a características consideradas na seleção. Sendo assim, a endogamia deve ser monitorada e controlada em programas de melhoramento²⁰⁻²⁵.

Pesquisas que auxiliem na elucidação do perfil de grupos genéticos de codornas, podem auxiliar os programas de melhoramento na definição das matrizes a serem selecionadas para a melhoria do plantel comercial. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi utilizar marcadores microssatélites para estimar a diversidade genética e a endogamia, bem como realizar análises de vínculo genético em progênies oriundas de um plantel comercial de codornas (*Coturnix japonica*).

Material e Métodos

Para o desenvolvimento do estudo foi instalado um experimento na granja da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG, com matrizes de codornas japonesas, provenientes da Granja Fujikura, Suzano (SP). As matrizes (com 52 semanas de idade) estavam alocadas em duas baterias de produção, totalizando 400 aves. Deste plantel da granja da UFG, foram selecionadas sete gaiolas cada uma com seis fêmeas e dois machos. As gaiolas foram selecionadas com base na maior produção de ovos, a partir do acompanhamento da produção de ovos durante 11 dias.

A produção de ovos foi acompanhada durante o período entre 20/05/2011 e 15/09/2011. Neste período os ovos foram coletados e identificados, em seguida, foram incubados em chocadeira automática digital golden 54x60x29cm em cinco etapas: etapa 1:

entre 26/05 e 31/05; etapa 2: entre 18/06 e 23/06; etapa 3: entre 10/07 e 15/07; etapa 4: entre 31/07 e 05/08; e etapa 5: entre 08/09 e 13/09.

Com aproximadamente 14 dias de incubação os ovos foram acondicionados em saquinhos de filó, devidamente numerados, para que após o nascimento os filhotes não se misturassem, e, portanto, houvesse o controle do neonato com relação à gaiola de origem. Após o nascimento, cada indivíduo foi identificado com uma abraçadeira com cor e numeração diferentes, obtendo-se em média 96 indivíduos por gaiola (Figura 1).



Figura 1. Progênes das codornas da granja experimental da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG, com as respectivas identificações experimentais.

A obtenção dos dados genéticos foi realizada no Laboratório de Genética & Biodiversidade (Departamento de Biologia Geral, Instituto de Ciências Biológicas) da Universidade Federal de Goiás. A extração do DNA das amostras, a partir de sangue ou tecido, foi realizada utilizando o protocolo de extração de DNA com alta concentração salina, modificado de MILLER et al. ²⁶.

O DNA de cada indivíduo foi quantificado e diluído para a realização das reações em cadeia da polimerase (PCR).

Foram selecionados 17 locos microssatélites (GUJ0011, GUJ0021, GUJ0027, GUJ0039, GUJ0041, GUJ0059, GUJ0062, GUJ0065, GUJ0068, GUJ0069, GUJ0073, GUJ0074, GUJ0083, GUJ0086, GUJ0093, GUJ0097 e GUJ0098) descritos na literatura ²⁷, desenvolvidos para *Coturnix japonica*. Inicialmente, foram padronizados e avaliados em 24 indivíduos. As reações de PCR para um sistema com o volume final de 15µl foram padronizadas da seguinte forma: 12,5 ng de DNA; 0,06 µM de cada primer; 1 U da enzima Taq DNA polimerase (Phoneutria Biotecnologia e Serviços LTDA); 0,21 mM de cada d’NTP; 0,21 mg de BSA (Albumina Bovina) e 1,13 X do tampão da enzima (10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂) e completando o volume com Água Milli-Q.

Para a termociclagem foi utilizada a condição de amplificação descrita a seguir: Primeira etapa: 5’ a 94°C; segunda etapa: 1’ a 94°C; terceira etapa: 1’ com a temperatura de cada *primer*; quarta etapa: 1’ a 72°C; quinta etapa: 30 ciclos (2-4) e Sexta etapa: 7’ a 72°C.

Os fragmentos de DNA produzidos nos diferentes locos foram submetidos à eletroforese vertical, em cuba de sequenciamento, contendo gel de poliacrilamida 6%, utilizando TBE 1X, durante duas horas com corrente elétrica constante. Em seguida, os fragmentos foram corados com nitrato de prata para a visualização dos alelos, seguindo o protocolo descrito por CRESTE et al. ²⁸. Após a revelação e secagem das placas, elas foram colocadas sobre a luz branca para a obtenção dos genótipos, utilizando, como padrão de peso molecular, o marcador 10bp *Ladder* (*base pairs* – pares de base) do fabricante *Invitrogen*TM. Após a codificação, essas placas foram escaneadas e os arquivos armazenados para posterior conferência.

Dos 17 locos testados, foram selecionados os 12 locos (GUJ0021, GUJ0039, GUJ0059, GUJ0062, GUJ0065, GUJ0068, GUJ0069, GUJ0073, GUJ0083, GUJ0086, GUJ0093 e GUJ0098) que apresentaram maior número de alelos, com maiores valores de diversidade genética, baixa probabilidade de identidade combinada e alta probabilidade de exclusão de paternidade combinada, para os 24 indivíduos analisados.

Os 12 locos selecionados foram marcados com fluorescência e passaram por mais uma etapa de padronização para serem avaliados em sequenciador automático. Os produtos de amplificação foram utilizados para a montagem de um sistema multiplex de aplicação, injetado em sequenciador automático de DNA (Applied Biosystems 3100). A

obtenção dos genótipos para cada loco foi realizada utilizando o programa GeneMapper 3.5 (*Applied Biosystems*) gerando uma matriz de genótipos de parentais e progênie.

Embora a análise dos genótipos tenha sido realizada tomando como base os genótipos dos parentais e sua progênie, o programa MICRO-CHECKER²⁹ foi utilizado na tentativa de eliminar possíveis erros de genotipagens, que podem ocorrer em função de artefatos da técnica de PCR. Este programa foi utilizado para avaliar a existência de alelos nulos, *stutter* e *dropout*.

A matriz de genótipos foi utilizada para realizar uma análise descritiva dos locos estimando-se as medidas de variabilidade genética conforme descrito a seguir: número de alelos observados (n_a), número médio de alelos por loco polimórfico, frequências alélicas em cada loco, heterozigosidade média observada (H_o) e heterozigosidade esperada (H_e) ou diversidade de NEI³⁰, conforme sugerido por ALFENAS et al.³¹ e WEIR³².

Com base nas estimativas das heterozigosidades esperadas e observadas (H_e e H_o), foi calculado o índice de fixação ou coeficiente de endogamia (f) para cada plantel, como medida da deficiência ou excesso de heterozigotos³².

A frequência de alelos nulos foi estimada segundo BROOKFIELD (1996), assumindo panmixia e que toda deficiência de heterozigotos relativa às proporções de Hardy-Weinberg se deve aos alelos nulos e não à subdivisão de população.

A partir das frequências alélicas obtidas para todos os locos nos indivíduos parentais, foram estimados dois parâmetros importantes para estudos de parentesco e paternidade, a fim de conhecer o poder de discriminação dos locos foram estimados a probabilidade de identidade genética (I)³³, a probabilidade de exclusão de paternidade (Q)³² e o conteúdo de informação polimórfica (PIC – *Polymorphism Information Content*)³⁴⁻³⁵.

A matriz de dados com os genótipos das 672 progênie oriundas de 57 parentais foi utilizada para realizar as análises de atribuição de paternidade e maternidade, utilizando o método de alocação categórica¹⁹ através do programa CERVUS 3.0³⁶⁻³⁷.

Os parâmetros usados nas inferências de paternidade e maternidade, considerando sexos como conhecidos, utilizando o programa CERVUS foram os seguintes: admitiu-se que a proporção de adultos amostrada foi 100%, com 42 fêmeas e 15 machos; que a proporção de locos genotipados foi de 50% e que a taxa de erro de genotipagem foi

de 0,01. Para determinar os verdadeiros progenitores foram utilizados os níveis de confiança restrito de 100% e relaxado de 95%.

As análises foram realizadas utilizando os softwares FSTAT ³⁸, IDENTITY 1.0 ³⁹ e CERVUS 3.0 ³⁶.

Resultados e Discussão

Os 12 locos avaliados com base nos genótipos dos parentais e sua progênie geraram média de 7,67 alelos nos locos, variando entre cinco e 12, conforme descrito na Tabela 1. O tamanho dos alelos encontrados neste estudo (entre 116 e 244 pares de bases), seguiram a mesma amplitude de variação descrita por KAYANG et al. ²⁷. A partir da comparação das frequências alélicas (Figura 2), nas duas gerações (parental e progênie), foi possível observar que todos os alelos existentes na geração parental estão representados nas progênie, seguindo a mesma distribuição de frequência.

Considerando os 12 locos analisados na geração parental a heterozigosidade esperada (H_e), observada (H_o) e conteúdo de informação polimórfica (PIC) foram 0,768, 0,766 e 0,734, respectivamente. Nas progênie, os valores médios de H_e , H_o e PIC foram 0,760, 0,757 e 0,725, respectivamente (Tabela 1). Os valores de diversidade genética encontrados neste estudo são considerados altos e foram maiores do que os descritos na literatura ^{21-24,27,40-41}. Por outro lado, CHAZARA et al., (2010) avaliaram 35 locos em populações selvagens de codorna e encontraram valores maiores de diversidade genética ($H_e = 0,815$) e AMIRINIA et al. ⁴² avaliaram 8 locos em quatro populações de codorna japonesa também encontraram valores maiores de diversidade genética (PIC = 0,764).

SANCHEZ-DONOSO et al. ¹⁶ avaliaram 11 locos em quatro populações, encontraram valores altos, maiores que os encontrados neste estudo em populações de fazenda de caça (PIC = 0,80, $H_e = 0,83$ e $H_o = 0,80$), fazenda experimental (PIC = 0,77, $H_e = 0,82$ e $H_o = 0,84$) e codornas selvagens (PIC = 0,87, $H_e = 0,90$ e $H_o = 0,90$), no entanto, para codornas domésticas, os valores encontrados foram bem mais baixos (PIC = 0,59, $H_e = 0,66$ e $H_o = 0,60$).

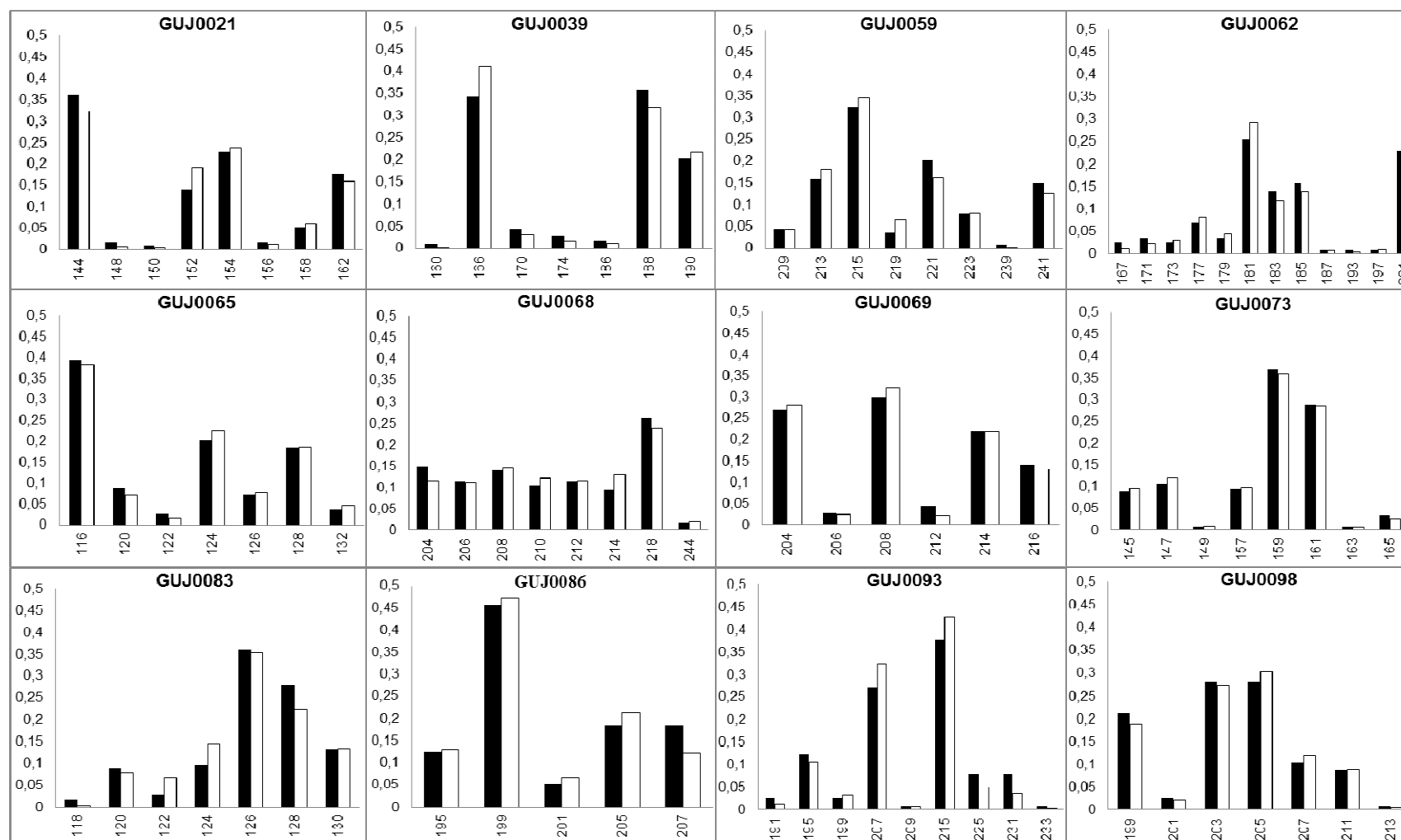


Figura 2. Distribuição das frequências alélicas encontradas para *Coturnix japonica* com 12 locos microsatélites. As barras pretas representam as frequências alélicas nos parentais e as brancas nas progênes.

Os valores de PIC encontrados neste estudo são considerados altamente Informativos, pois de acordo com BOTSTEIN et al.³⁴ os valores de PIC são classificados em três níveis: 1) altamente informativo ($PIC > 0,5$); 2) moderadamente informativo ($0,5 > PIC > 0,25$) e 3) pouco informativo ($PIC < 0,25$).

A frequência estimada de alelos nulos exibiu valores próximos a zero (Tabela 1), o que aumenta a confiabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos populacionais encontrados neste estudo. Como a frequência de alelos nulos é estimada a partir da deficiência de heterozigotos, estes resultados corroboram com o encontrado neste estudo, uma vez que o H_o foi alto e com valores próximos ao de H_e .

Considerando apenas a geração parental a probabilidade de exclusão de paternidade combinada (PE) foi igual a 0,999956 e probabilidade de identidade combinada (PI) foi igual a $PI = 1,47 \times 10^{-13}$ (Tabela 1). Esses valores permitem concluir que esta bateria de 12 locos selecionados para *Coturnix japonica* é bastante informativa e pode ser utilizada para fins de análise de vínculo genético⁴³.

Na geração parental o coeficiente de endogamia (f) médio foi igual a 0,009, variando entre -0,053 e 0,064. Nas progênie o coeficiente de endogamia foi igual a -0,090, variando entre -0,059 e -0,117 (Tabela 2). Estes valores negativos indicam ausência de endogamia. No entanto, considerando que nenhum dos coeficientes de endogamia foram significativos, pode-se concluir que não há endogamia no material genético avaliado. Isto pode estar relacionado com a elevada diversidade genética presente nesse material. De um modo geral os valores dos coeficientes de endogamia encontrados para estes locos foram um pouco mais baixos, mas semelhantes aos obtidos na literatura²¹⁻²³.

No entanto, EMRANI et al.²⁴ avaliaram 12 locos em quatro linhagens de codorna japonesa e encontraram o coeficiente de endogamia (f) médio a alto para as quatro linhagens, indicando que o elevado nível de endogamia poderia ser o resultado de um efeito de gargalo, por reduções no tamanho das populações.

Tabela 1. Relação dos 12 locos microssatélites analisados em *Coturnix japonica*, contendo o número de indivíduos (n), número de alelos observados (na), heterozigosidade esperada (He) e observada (Ho), estimativa de frequência de alelos nulos (FAN), probabilidade de exclusão de paternidade (PE), probabilidade de identidade (PI) e conteúdo de informação polimórfica (PIC) para os parentais e progênies, respectivamente.

Locos	na	Parentais							Progênies						
		n	He	Ho	FAN	PE	PI	PIC	N	He	Ho	FAN	PE	PI	PIC
GUJ21	8	57	0,765	0,772	-0,004	0,553	0,090	0,730	660	0,772	0,759	0,007	0,558	0,088	0,736
GUJ39	7	57	0,710	0,807	-0,057	0,460	0,136	0,658	666	0,683	0,686	-0,002	0,416	0,161	0,623
GUJ59	8	57	0,797	0,754	0,024	0,609	0,068	0,770	654	0,795	0,797	-0,001	0,609	0,068	0,769
GUJ62	12	57	0,830	0,877	-0,026	0,665	0,050	0,809	666	0,814	0,841	-0,010	0,641	0,058	0,792
GUJ65	7	57	0,755	0,614	0,080	0,548	0,093	0,722	626	0,754	0,716	0,022	0,543	0,095	0,720
GUJ68	8	57	0,842	0,719	0,067	0,686	0,044	0,823	587	0,850	0,809	0,022	0,699	0,040	0,833
GUJ69	6	57	0,767	0,860	-0,053	0,546	0,093	0,728	659	0,750	0,781	-0,018	0,518	0,105	0,708
GUJ73	8	57	0,751	0,754	-0,002	0,537	0,098	0,715	607	0,756	0,703	0,030	0,542	0,096	0,720
GUJ83	7	57	0,757	0,772	-0,009	0,543	0,095	0,721	615	0,777	0,823	-0,026	0,575	0,081	0,746
GUJ86	5	57	0,706	0,614	0,054	0,477	0,127	0,666	637	0,697	0,705	-0,005	0,469	0,132	0,658
GUJ93	9	57	0,755	0,807	-0,030	0,547	0,094	0,721	661	0,698	0,685	0,007	0,462	0,139	0,650
GUJ98	7	57	0,779	0,842	-0,036	0,569	0,084	0,744	665	0,776	0,782	-0,003	0,565	0,085	0,741
Total	92					0,9999559	1,47E-13						0,9999422	2,64E-13	
Média	7,6667		0,7677	0,7661	0,0008			0,7339		0,7602	0,7573	0,0019			0,7246

Tabela 2. Coeficiente de endogamia (f) estimada na geração parental e suas progênes no experimento conduzido com *Coturnix japonica* da granja experimental da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG.

f^*	Gaiola 1	Gaiola 2	Gaiola 4	Gaiola 5	Gaiola 6	Gaiola 7	Gaiola 8	Média
Parentais	-0,053	0,014	0,036	-0,014	0,067	0,064	-0,051	0,009
Progênes	-0,065	-0,117	-0,115	-0,076	-0,091	-0,059	-0,109	-0,090

* Nenhum valor foi significativo para $P = 0,0006$.

Esses resultados contradizem a ideia de produtores de ovos de codornas da existência de uma elevada endogamia nos plantéis de codornas japonesas criadas no Brasil, uma vez que não existem linhagens comerciais, desenvolvidas a partir de programas de melhoramento, como acontece em frangos. No entanto, é possível que a granja onde foram adquiridas as aves controle os acasalamentos, evitando, deste modo a endogamia.

Do total de progênes avaliadas, foi possível atribuir a paternidade e maternidade para 96% das progênes, com nível de confiança restrito de 100%, aumentado para 97% após assumir um nível de confiança relaxado de 95%. Para um indivíduo não foi possível atribuir paternidade e maternidade, uma vez que ocorreu indicativo de alelos nulos em alguns locos, restando apenas as informações de 6 locos. Para os 3% restantes não foi possível atribuir paternidade ou maternidade com o delta crítico maior ou igual a 6,25 (para nível de confiança relaxado de 95%). No entanto, uma vez que neste trabalho foi utilizado um sistema fechado, os valores de delta crítico positivo e maior que zero para o primeiro provável progenitor foi levado em consideração. Assim, apenas três indivíduos foram retirados das análises por falta de atribuição correta de paternidade ou maternidade (Apêndice 1).

Conclusão

Esses resultados permitem concluir que o painel composto por 12 marcadores microsatélites é robusto para a realização de análises de vínculo genético e para estudos de variabilidade genética em *Coturnix japonica*. O painel permitiu atribuir a paternidade e maternidade com bom nível de confiança para 97% das progênes. Além disso, a diversidade encontrada é bastante elevada e não foi detectada endogamia, informações que podem ser úteis em futuros programas de melhoramento genético para a espécie.

Referências

1. Pinto R, Ferreira AS, Albino LFT, et al. Níveis de proteína e energia para codornas japonesas em postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2002;31:1761-1770.
2. Minvielle F. The future of Japanese quail for research and production. *World's Poultry Science Journal* 2004;60:500-507.
3. Vali N. The Japanese quail: A review. *International Journal of Poultry Science* 2008;7:925-931.
4. Mills AD, Crawford LL, Domjan M, et al. The behavior of the Japanese or domestic quail *Coturnix japonica*. *Neuroscience & Biobehavioral Reviews* 1997;21:261-281.
5. OLIVEIRA E, ALMEIDA M, MENDES A, et al. Desempenho produtivo de codornas de ambos os sexos para corte alimentadas com dietas com quatro níveis protéicos. *Archives of Veterinary Science* 2002;7:75-80.
6. Freitas AC, Fuentes MFF, Freitas ER, et al. Efeito de níveis de proteína bruta e de energia metabolizável na dieta sobre o desempenho de codornas de postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2005;34.
7. Teixeira BB, Teixeira RB, Silva LP, et al. Estimativa dos componentes de variância para as características de produção e de qualidade de ovos em matrizes de codorna de corte. *Ciência Rural* 2012;42:713-717.
8. Dionello N, Correa G, Silva M, et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* 2008;60:454-460.
9. Teixeira BB, Euclides RF, Teixeira RB, et al. Características quantitativas em matrizes de codorna de corte através de análises multicaracterística. *Ciência Rural* 2012;42:2259-2264.
10. Lesk AM. *Introdução à bioinformática*. 2ª ed. Porto Alegre: Artmed, 2008.
11. Ferreira ME, Grattapaglia D. *Introdução ao uso de marcadores moleculares em análises genética*. 3 ed. Brasília-DF: Embrapa, 1998.
12. Oliveira J, Henkes L. Marcadores moleculares em reprodução animal In: GONSALVES PF, JR; FREITAS, VJF, ed. *Biotécnicas aplicadas à reprodução animal*. São Paulo: Varela Editora e Livraria, 2002;261-279.

13. JONES AG, SMALL CM, PACZOLT KA, et al. A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources* 2010;10:6-30.
14. Jones O, Wang J. Molecular marker-based pedigrees for animal conservation biologists. *Animal Conservation* 2010;13:26-34.
15. Amaral AJ, Silva AB, Grosso AR, et al. Detection of hybridization and species identification in domesticated and wild quails using genetic markers. *Folia Zoologica* 2007;56:285.
16. Sanchez-Donoso I, Vilà C, Puigcerver M, et al. Are Farm-Reared Quails for Game Restocking Really Common Quails (*Coturnix coturnix*)?: A Genetic Approach. *PloS one* 2012;7:e39031.
17. Gholizadeh M, Mianji GR. Use of microsatellite markers in poultry research. *International Journal of Poultry Science* 2007;6:145-153.
18. Queller DC, Strassmann JE, Hughes CR. Microsatellites and kinship. *Trends in Ecology & Evolution* 1993;8:285-288.
19. Jones AG, Ardren WR. Methods of parentage analysis in natural populations. *Molecular Ecology* 2003;12:2511-2523.
20. Falconer DS. *Introdução à genética quantitativa*. Trad. SILVA, M.A. & SILVA, J.C. Viçosa: UFV, 1987.
21. Chang G, Chang H, Liu X, et al. Genetic diversity of wild quail in China ascertained with microsatellite DNA markers. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences* 2007;20:1783.
22. Kim SH, Cheng KMT, Ritland C, et al. Inbreeding in Japanese quail estimated by pedigree and microsatellite analyses. *Journal of Heredity* 2007;98:378.
23. Farrag S, Tanatarov A, Soltan M, et al. Microsatellite Analysis of Genetic Diversity in Three Populations of Japanese Quail (*Coturnix coturnix japonica*) from Kazakhstan. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 2011;10:2376-2383.
24. Emrani H, Amirinia C, Arbabe MAR. Genetic variation and bottleneck in Japanese quail (*Coturnix japonica*) strains using twelve microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology* 2011;10:4289-4295.
25. Breda FC, Euclides RF, Pereira CS, et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2004;33:2017-2025.

26. Miller S, Dykes D, Polesky H. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research* 1988;16:1215.
27. Kayang BB, Inoue-Murayama M, Hoshi T, et al. Microsatellite loci in Japanese quail and cross-species amplification in chicken and guinea fowl. *Genetics Selection Evolution* 2002;34:233-254.
28. Creste S, Neto AT, Figueira A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. *Plant Molecular Biology Reporter* 2001;19:299-306.
29. Van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DPM, et al. Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 2004;4:535-538.
30. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 1973;70:3321.
31. Alfenas AC, Peters I, Brune W, et al. *Eletroforese de proteínas e isoenzimas de fungos e essências florestais*. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1991.
32. Weir BS. *Genetic Data Analysis II Methods for Discrete Population Genetic Data*: Sinauer Associates, 1996.
33. Paetkau D, Calvert W, Stirling I, et al. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 1995;4:347-354.
34. Botstein D, White RL, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics* 1980;32:314-331.
35. Hearne CM, Ghosh S, Todd JA. Microsatellites for linkage analysis of genetic traits. *TRENDS in Genetics* 1992;8:288-294.
36. Kalinowski ST, Taper ML, Marshall TC. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 2007;16:1099-1106.
37. Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, et al. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 1998;7:639-655.
38. Goudet J. FSTAT: a program to estimate and test gene diversities and fixation index. 2.9.3.2 ed, 2002.

39. Wagner H, Sefc K. IDENTITY 1.0 - Freeware program for the analysis of microsatellite data In: Wagner H, Sefc K, eds. *Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences, Vienna*, 1999.
40. Gruszczyńska J, Michalska E. Application of chicken microsatellite markers to molecular monitoring of the experimental population of Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Animal Science Papers and Reports* 2013;31:73-84.
41. Inoue-Murayama M, Kayang B, Kimura K, et al. Chicken microsatellite primers are not efficient markers for Japanese quail. *Animal Genetics* 2001;32:7-11.
42. Amirinia C, Emrani H, Arbabe M, et al. Evaluation of eight microsatellite loci polymorphism in four Japanese quail (*Coturnix japonica*) strain in Iran. *Pakistan journal of biological sciences: PJBS* 2007;10:1195.
43. Duarte F, PEREZ A, PENA S, et al. *A avaliação do DNA como prova forense*, 2001.

CAPÍTULO 3 – ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES PARA MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM FAMÍLIAS DE CODORNAS (*Coturnix japonica*)

Resumo

O objetivo deste trabalho foi estimar as herdabilidades para as variáveis morfométricas: peso, comprimento e largura do ovo, peso das progênes, comprimento do corpo, comprimento do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo e também verificar a associação genética entre essas variáveis em famílias de codornas (*Coturnix japonica*). Para o desenvolvimento do trabalho foi instalado um experimento com sete gaiolas contendo seis fêmeas e dois machos, resultando em uma progênie de 672 indivíduos. Os dados obtidos foram utilizados em análises de componentes de variância, estatísticas descritivas, correlações de Pearson e estimativas de herdabilidade. Algumas variáveis apresentaram muita diferença entre os valores mínimo e máximo, com alta variância. O peso das progênes ao nascimento e as variáveis analisadas nos ovos estão altamente correlacionadas e também existe correlação significativa entre a maioria das medidas. As estimativas de herdabilidade encontradas neste trabalho são consideradas de moderadas a altas. A partir desses resultados temos que o peso das progênes ao nascimento e as variáveis analisadas nos ovos estão altamente correlacionadas e que os valores de herdabilidades estimados para as medidas morfométricas em famílias de codornas (*Coturnix japonica*) variaram de moderados a altos. Apenas as estimativas de herdabilidades para as medidas do bico foram moderadas e para as outras variáveis foram altas, principalmente para as variáveis analisadas nos ovos e peso das progênes. Deste modo, estas informações podem ser úteis em programas de melhoramento para esta espécie.

Palavras-chave: análise de variância, componentes de variância, correlação de Pearson, medidas dos ovos, morfometria.

CHAPTER 3 - HERITABILITY AND MORPHOMETRIC MEASURES CORRELATIONS IN FAMILIES OF QUAILS (*Coturnix japonica*)

Abstract

In this chapter we aimed to estimate the heritability for morphometric variables: weight, egg's length and width, progeny weight, body length, beak length, beak height, beak width, wing length, tarsus length and toe length. We also checked the genetic association for these variables in quail families (*Coturnix japonica*). We used seven cages with six females and two males each, which produced a progeny of 672 individuals. The data obtained were used to perform component variance analysis, descriptive statistics, Pearson correlations, and heritability analysis. Some of the variables showed a high variance between minimum and maximum values. The offspring's weight at birth and the analyzed eggs variables were highly correlated, with significant correlation between most of the measures. The estimates of heritability found in this study were considered moderate to high. From these results we concluded that the weight of the offspring at birth and the variables analyzed in eggs are highly correlated, and that the values of heritability estimates for morphometric measures in families of quail (*Coturnix japonica*) ranged from moderate to high. The heritability estimates for beak measures were moderate, while the other variables were high, especially for eggs' variables and the progeny weight. Thus, this information may be useful in breeding programs for this species.

Key words: analysis of variance, egg measures, morphometric measures, Pearson correlation, variance components.

Introdução

Durante muitos anos, no cenário da produção avícola brasileira, a coturnicultura foi considerada como uma atividade alternativa para pequenos produtores. Entretanto, em função do potencial dessas aves para a produção de ovos e carne, sua exploração comercial cresceu e encontra-se em expansão ¹⁻², se destacando no mercado agropecuário como excelente atividade produtiva, principalmente pelo uso de pequenas áreas, baixo investimento e rápido retorno do capital investido ³.

Embora a produção em escala industrial tenha aumentado nos últimos anos, observa-se ainda baixa uniformidade nos índices produtivos, com informações escassas nas áreas de manejo e nutrição, dificultando a criação e contribuindo para o aumento no custo de produção desta espécie ³⁻⁵.

Dessa forma, torna-se grande o desafio para pesquisadores e profissionais desenvolverem técnicas de produção e manejo, com adoção de programas adequados de melhoramento, alimentação e práticas de manejo e sanidade, que possibilitem maior representatividade da espécie no mercado brasileiro, garantindo, desta forma, futuro com maior sucesso como o alcançado na exploração de frangos de corte ^{3-4,6}.

Neste contexto, torna-se necessário o desenvolvimento de material genético superior, por meio de programas de melhoramento genético, em que bons plantéis sejam formados no cenário nacional, a partir da seleção dos animais geneticamente superiores que deverão ser utilizados nos programas de melhoramento. A eficiência do melhoramento é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co) variâncias das características e dos critérios de seleção. As variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais são parâmetros típicos da população que se está estudando, podendo variar de população para população, de acordo com diversos fatores a que estejam submetidas ⁷⁻⁹.

Estas estimativas permitem gerar informações de longo prazo sobre os padrões individuais de acasalamento e reprodução, o que limita o alcance e o tipo de populações onde o modelo animal pode ser utilizado. Uma maneira de superar essa limitação é a utilização de dados de marcadores moleculares para estimar as relações genéticas entre os indivíduos em uma população e, em seguida, usar a matriz de parentesco resultante, ao invés de uma genealogia conhecida, para construir o modelo animal ¹⁰.

A herdabilidade expressa a proporção da variância total que é atribuída ao efeito médio dos genes e este é que determina o grau de semelhança entre parentes. Mas

sua função mais importante no estudo genético do caráter métrico é o seu papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético. Somente o valor fenotípico do indivíduo pode ser diretamente medido, mas é o valor genético que determina sua influência na próxima geração ⁷⁻⁹.

Para obter material genético de qualidade são necessários programas de melhoramento bem fundamentados, embasados em parâmetros genéticos acurados e precisos. Os programas de melhoramento animal necessitam também de constante acompanhamento das características de importância econômica para o desenvolvimento da linhagem ¹¹⁻¹².

Dentre os diversos fatores que podem influenciar no desempenho de codornas, a qualidade e peso dos ovos e o peso ao nascer se destacam. Embora as pesquisas demonstrem que o peso do ovo influencia o peso ao nascimento, existem poucas informações na literatura para esta espécie. A estimação das características qualitativas do ovo é importante para os processos de seleção e melhoramento genético, que podem ser conduzidos de forma a atender às necessidades do criador ou do consumidor. Entretanto, relatos sobre as correlações genéticas entre essas características, utilizando máxima verossimilhança restrita (REML) são escassos ¹²⁻¹⁶.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi estimar a herdabilidade para as variáveis morfométricas: peso, comprimento e largura do ovo, peso das progênes, comprimento do corpo, comprimento do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo e também verificar a associação genética para estas variáveis em famílias de codornas (*Coturnix japonica*).

Material e Métodos

Para o desenvolvimento do trabalho foi instalado um experimento na granja da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG, com matrizes de codornas japonesas, provenientes da Granja Fujikura, Suzano (SP), conforme descrito no cap. 2.

Dos ovos coletados para incubação foram obtidos peso do ovo em balança analítica (g) (PO), comprimento (cm) (CO) e largura do ovo (cm) (LO) em paquímetro digital. Após incubação obteve-se média de 96 indivíduos por gaiola. Das progênes que nasceram foram anotadas a data de nascimento e coletadas as medidas: peso das progênes

(g) (P), comprimento total do corpo sem penas (cm) (CC), comprimento do bico ou do cúlmen (mm) (CB), medido da base até a ponta do bico, altura do bico na base (mm) (AB), largura do bico na base (mm) (LB), comprimento da asa (cm) (CA), comprimento do tarso (mm) (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (mm) (CD) ¹⁷ (Figura 1).

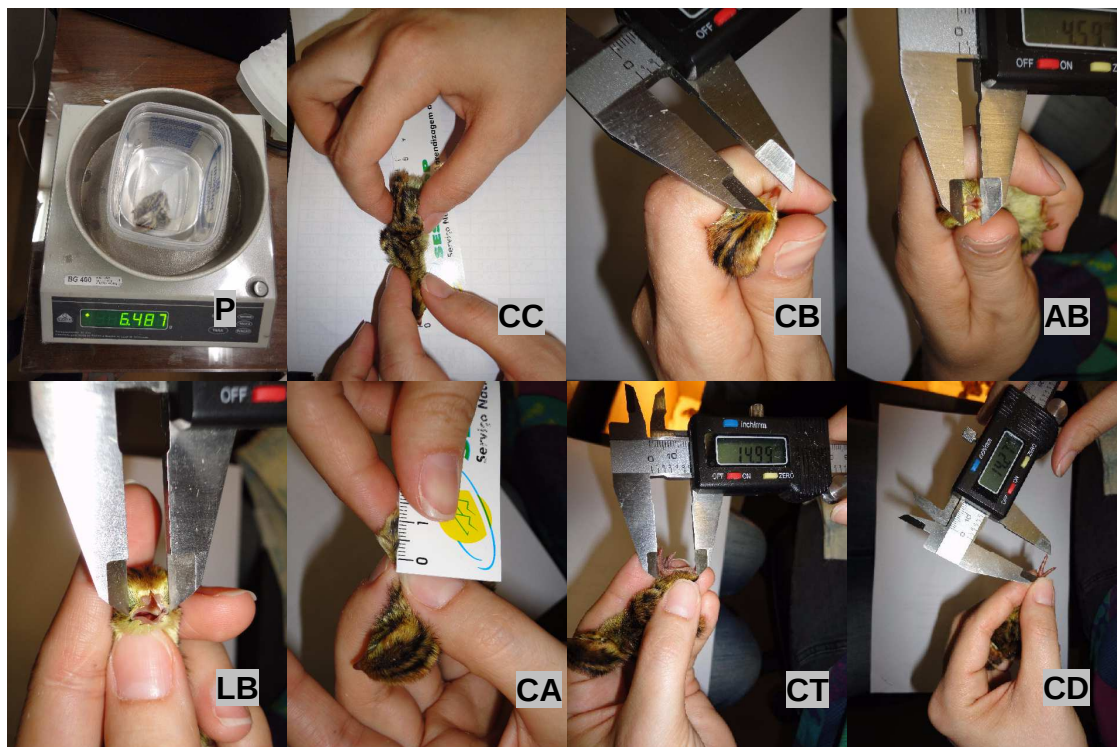


Figura 1. Medidas morfométricas coletadas nos parentais e progênes: peso das progênes (g) (P), comprimento total do corpo sem penas (cm) (CC), comprimento do bico ou do cúlmen (mm) (CB), medido da base até a ponta do bico, altura do bico na base (mm) (AB), largura do bico na base (mm) (LB), comprimento da asa (cm) (CA), comprimento do tarso (mm) (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (mm) (CD).

As famílias foram determinadas a partir de análises de vínculo genético, realizadas a partir dos genótipos obtidos com os dados dos marcadores microssatélites, conforme descrito no capítulo 2. A partir dessa análise foi construída uma planilha para as progênes com seus respectivos progenitores e suas medidas morfométricas, coletadas nos ovos e nas próprias progênes. Esta planilha foi utilizada para realizar as análises estatísticas.

As análises estatísticas descritivas foram realizadas utilizando o programa Systat 12¹⁸ e as correlações de Pearson entre as variáveis foram obtidas no programa BioEstat 5.0¹⁹.

Os componentes de (co)variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita livre de derivada, usando o software MTDFREML (*Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*)²⁰, utilizando modelo misto. O programa faz uso da inversa da matriz de parentesco e do modelo animal e considera todas as informações genealógicas disponíveis. Todas as características foram analisadas aplicando-se um modelo animal incorporando matriz de parentesco. As estimativas de herdabilidade foram obtidas em análises uni-característica.

No MTDFREML, é utilizado um algoritmo simplex para obtenção do mínimo de $-2 \log L$ (em que L = função de verossimilhança) em modelos com múltiplos parâmetros. Os valores dos componentes de (co)variância que minimizam a função $-2 \log L$ são as estimativas de máxima verossimilhança desses componentes. Como critério de convergência, utilizou-se a variância dos valores do simplex ($-2 \log$ de verossimilhança), menores do que 10^{-9} . Após cada convergência, o programa foi reiniciado, usando as estimativas obtidas anteriormente, como valores iniciais. Esse procedimento foi repetido até que as diferenças entre as estimativas das duas últimas convergências não diferisse.

Resultados e Discussão

Os valores obtidos das estatísticas descritivas (número de progênes, valores mínimos e máximos, médias, desvio padrão, variância e coeficiente de variação) estão apresentados na Tabela 1, para as variáveis de peso do ovo (PO), Comprimento do ovo (CO), Largura do ovo (LO), peso das progênes (P), comprimento total do corpo sem penas (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico na base (AB), largura do bico na base (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD). Algumas variáveis apresentaram muita diferença entre os valores mínimo e máximo, apresentando uma alta variância.

Tabela 1. Número de progênies (N), mínimo, máximo, média, desvio padrão (DP), variância e coeficiente de variação (CV) para as variáveis: peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO), peso das progênies (P), comprimento total do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico na base (AB), largura do bico na base (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para *Coturnix japonica*.

Variável	N	Mínimo	Máximo	Média	DP	Variância	CV (%)
PO (g)	669	7,56	15,97	11,21	0,96	0,92	8,6
CO (cm)	669	27,02	38,60	32,17	1,34	1,80	4,2
LO (cm)	669	22,36	32,85	25,33	0,80	0,63	3,1
P (g)	578	4,90	10,36	7,74	0,79	0,63	10,2
CC (cm)	578	5,50	8,30	7,27	0,36	0,13	5,0
CB (mm)	578	4,91	7,72	6,15	0,48	0,23	7,8
AB (mm)	578	3,68	5,41	4,47	0,24	0,06	5,5
LB (cm)	578	5,78	7,96	6,93	0,37	0,14	5,4
CA (mm)	578	1,00	1,80	1,54	0,13	0,02	8,2
CT (mm)	578	12,86	16,97	14,99	0,65	0,43	4,4
CD (mm)	577	11,34	16,12	14,29	0,72	0,52	5,1

As correlações de Pearson entre as medidas morfométricas realizadas nas progênies estão descritas na Tabela 2. Estes resultados mostram que o peso das progênies ao nascimento e as variáveis analisadas nos ovos estão altamente correlacionadas e também que existe correlação significativa entre a maioria das medidas.

Alguns trabalhos mostram que maior peso do ovo influi positivamente no peso corporal ao nascer²¹⁻²⁵

Na literatura foi relatada a existência de correlação genética direta elevada entre largura do ovo e peso do ovo e correlação genética com efeito materno elevado entre peso, comprimento e largura dos ovos e peso ao nascer. Estes resultados demonstram que as características de ovos e o peso ao nascer são influenciados por uma combinação de genética e ambiente permanente²⁶.

As análises de variância e estimativas de herdabilidade das progênies estão descritas na Tabela 3 para as variáveis de peso do ovo, comprimento do ovo, largura do ovo, peso das progênies, comprimento total do corpo sem penas, comprimento do bico, altura do bico na base, largura do bico na base, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo mais comprido, com a unha. Estas análises foram realizadas considerando a matriz de parentesco.

Tabela 2. Correlação entre as variáveis: peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO), peso das progênes (P), comprimento total do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico na base (AB), largura do bico na base (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para *Coturnix japonica*.

	PO	TO	LO	P	CC	CB	AB	LB	CA	CT	CD
PO	1,000										
TO	0,758*	1,000									
LO	0,808*	0,432*	1,000								
P	0,866*	0,664*	0,712*	1,000							
CC	0,285*	0,286*	0,284	0,275*	1,000						
CB	0,121*	0,131*	0,133	0,039*	0,440*	1,000					
AB	0,142*	0,130*	0,139*	0,079*	0,263*	0,461*	1,000				
LB	0,216*	0,137*	0,191*	0,238*	0,242*	0,196*	0,175*	1,000			
CA	0,198*	0,177*	0,232*	0,165*	0,459*	0,137*	0,141*	0,034	1,000		
CT	0,426*	0,322*	0,364*	0,440*	0,278*	0,064	0,101*	0,214*	0,162*	1,000	
CD	0,343*	0,242*	0,285*	0,373*	0,274*	0,017	0,106*	0,163*	0,271*	0,623*	1,000

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) e de herdabilidade (h^2) para as variáveis peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO), peso das progênes (P), comprimento total do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico na base (AB), largura do bico na base (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD), a partir das análises unicaráter para *Coturnix japonica*.

Variáveis	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
PO	0,76991	0,09953	0,86945	0,89
CO	1,63239	0,17695	1,80934	0,90
LO	0,57922	0,09331	0,67253	0,86
P	0,53466	0,12442	0,65908	0,81
CC	0,08246	0,07484	0,15730	0,52
CB	0,08132	0,15991	0,24123	0,34
AB	0,02348	0,04617	0,06965	0,34
LB	0,04948	0,09729	0,14676	0,34
CA	0,01130	0,01025	0,02155	0,52
CT	0,20564	0,26957	0,47521	0,43
CD	0,26364	0,34560	0,60924	0,43

As estimativas de herdabilidade encontradas neste trabalho são consideradas de moderadas a altas. Em geral a herdabilidade pode ser considerada baixa quando for menor que 0,2, moderada entre 0,2 e 0,4 e alta quando for maior que 0,4 ⁹. As estimativas de

herdabilidade para as medidas do bico foram moderadas e para as outras variáveis foram altas, principalmente para as variáveis analisadas nos ovos e peso das progênies.

Trabalhos com estimativas de herdabilidade, também estimadas por máxima verossimilhança restrita livre de derivada, mostraram diferentes valores de herdabilidade. Essas diferenças nas estimativas de herdabilidade podem ser atribuídas ao método de estimativa utilizado, aos efeitos ambientais ou ao erro de amostragem, em função do pequeno conjunto de dados ou tamanho da amostra utilizada. No entanto, os valores de variância fenotípica obtidos neste trabalho por dois diferentes métodos de análise (análises estatísticas descritivas e componentes de (co)variância estimados por máxima verossimilhança restrita) foram bem parecidos, dando uma confiabilidade para os cálculos de herdabilidade. Em codornas só foram encontrados trabalhos com estimativas de herdabilidade para as variáveis analisadas nos ovos e peso das progênies (Tabela 4).

Tabela 4. Estimativas de herdabilidade para as variáveis analisadas nos ovos: peso do ovo (PO), comprimento do ovo (CO), largura do ovo (LO) e peso das progênies (P), encontradas na literatura para a espécie *Coturnix*.

Variáveis	Estimativa	Autores
PO	0,83	SEZER, 2007
	0,32	KHALDARI et al., 2010
	0,66, 0,52, 0,51, 0,45, 0,59 e 0,56	GEORG et al., 2009
	0,25	SAATCI et al., 2006
	0,31, 0,14, 0,70 e 0,73	HIDALGO et al., 2011
CO	0,24 e 0,27	TEIXEIRA et al., 2012
	0,72	SEZER, 2007
	0,18	SAATCI et al., 2006
	0,17, 0,24, 0,47, 0,27, 0,25, 0,50, 0,49	TEIXEIRA et al., 2013
LO	0,38, 0,43 e 0,49	TEIXEIRA et al., 2012
	0,68	SEZER, 2007
	0,22	SAATCI et al., 2006
	0,10, 0,38, 0,57, 0,15, 0,29, 0,34, 0,32	TEIXEIRA et al., 2013
P	0,34	TEIXEIRA et al., 2012
	0,07	SAATCI et al., 2006
	0,33	RESENDE et al., 2005
	0,51	SAATCI et al., 2003
	0,74 e 0,82	MAGDA et al., 2010
	0,01	DIONELLO et al., 2008
	0,53	SOHRABI et al., 2012
	0,64 e 0,68	TEIXEIRA et al., 2013

Para comprimento e largura dos ovos foram estimadas herdabilidade de média a alta, porém mais baixas que as encontradas neste estudo ¹². Também foram encontradas herdabilidades para peso, comprimento e largura dos ovos, mais altas que as deste estudo ¹³, herdabilidade moderada para peso de ovos ²⁷, herdabilidade alta para peso de ovos ¹⁴, herdabilidade baixa a moderada para peso, comprimento e largura dos ovos e peso ao nascer ²⁶, moderada para peso ao nascer ²⁸ e alta para peso ao nascer ²⁹⁻³⁰.

DIONELLO et al. ¹¹ estudando dois grupos genéticos de codornas de corte encontraram herdabilidade baixa para peso ao nascimento. SOHRABI et al. ³¹ encontraram herdabilidade materna de média a alta, porém bem mais baixa que a encontrada neste estudo, para peso ao nascer, utilizando populações F₂ de codornas japonesas.

HIDALGO et al. ¹⁵, utilizando quatro linhagens de codornas, encontraram estimativas de herdabilidade para peso do ovo de baixa a moderada para as linhagens amarela e azul e estimativa de herdabilidade altas para as linhagens vermelha e de corte, mostrando muita variação nas estimativas das herdabilidades, que devem estar relacionados com os dados e métodos de análise utilizados.

TEIXEIRA et al. ¹⁶, avaliando dois grupos genéticos, de origens distintas de codorna de corte, obtiveram valores de herdabilidade de baixa a alta, para peso, largura e comprimento dos ovos para diferentes idades de postura. Também foi encontrada herdabilidade alta para peso ao nascer, porém mais baixa que a encontrada neste estudo.

Conclusão

A partir desses resultados é possível concluir que o peso das progênes ao nascimento e as variáveis analisadas nos ovos estão altamente correlacionadas e que os valores de herdabilidades estimados para as medidas morfométricas: peso, comprimento e largura do ovo, peso das progênes, comprimento do corpo, comprimento do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo em famílias de codornas (*Coturnix japonica*) apresentaram valores que variaram de moderados a altos. Apenas as estimativas de herdabilidades para as medidas do bico foram moderadas e para as outras variáveis foram altas, principalmente para as variáveis analisadas nos ovos e peso das progênes, mostrando que estas variáveis são passíveis de

ganhos genéticos, informações que podem ser úteis em programas de melhoramento para esta espécie.

Referências

1. OLIVEIRA E, ALMEIDA M, MENDES A, et al. Desempenho produtivo de codornas de ambos os sexos para corte alimentadas com dietas com quatro níveis protéicos. *Archives of Veterinary Science* 2002;7:75-80.
2. Freitas AC, Fuentes MFF, Freitas ER, et al. Efeito de níveis de proteína bruta e de energia metabolizável na dieta sobre o desempenho de codornas de postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2005;34.
3. Barreto SLT, Pereira CA, Umigi RT, et al. Determinação da exigência nutricional de cálcio de codornas japonesas na fase inicial do ciclo de produção. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2007;36:68-78.
4. Costa CHR, BARRETO S, Moura WCO, et al. Níveis de fósforo e cálcio em dietas para codornas japonesas em postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2007;36:2037-2046.
5. Sakamoto MI, Murakami AE, SOUZA L, et al. Valor energético de alguns alimentos alternativos para codornas japonesas. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2006;35:818-821.
6. Móri C, Garcia EA, Pavan AC, et al. Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para produção de carne. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2005;34:870-876.
7. Falconer DS. *Introdução à genética quantitativa*. Trad. SILVA, M.A. & SILVA, J.C. Viçosa: UFV, 1987.
8. Lynch M, Walsh B. *Genetics and analysis of quantitative traits*: Sinauer Associates, Inc, 1998.
9. Pereira JCC. *Melhoramento genético aplicado à produção animal*. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 1999.
10. Frentiu FD, Clegg SM, Chittock J, et al. Pedigree-free animal models: the relatedness matrix reloaded. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 2008;275:639-647.
11. Dionello N, Correa G, Silva M, et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* 2008;60:454-460.
12. Teixeira BB, Teixeira RB, Silva LP, et al. Estimação dos componentes de variância para as características de produção e de qualidade de ovos em matrizes de codorna de corte. *Ciência Rural* 2012;42:713-717.
13. SEZER M. Heritability of exterior egg quality traits in Japanese quail. *Journal of Applied Biological Sciences* 2007;1:37-40.
14. Georg PC, de Paiva E, Conti ACM, et al. Interação genótipo× ambiente em codornas de postura alimentadas com rações com dois níveis de energia metabolizável. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2009;38:1706-1711.
15. Hidalgo AM, Martins EN, Santos ALd, et al. Genetic characterization of egg weight, egg production and age at first egg in quails. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2011;40:95-99.

16. Teixeira BB, Euclides RF, Teixeira RB, et al. Herdabilidade de características de produção e postura em matrizes de codornas de corte. *Ciência Rural* 2013;43:361-365.
17. SICK H. *Ornitologia Brasileira*. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1997.
18. Wilkinson L. SYSTAT 12 for Windows: more statistics, more graphics, less effort. 12.00.09 ed: Systat Software, 2007.
19. AYRES M, AYRES JUNIOR M, AYRES D, et al. BioEstat 5.0: Instituto de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá/IDSM/MCT/CNPq. Available from: <<http://www.mamiraua.org.br/download/>>. Access in, 2007.
20. BOLDMAN K, KRIESE L, Van VLECK L. A manual for use for MTDFREML: A set of programs to obtain of variance and covariances. USDA. ARS. *Lincoln: Agricultural Research Service*, 1995.
21. Corrêa A, Silva M, Corrêa G, et al. Efeito da interação idade da matriz x peso do ovo sobre o desempenho de codornas de corte. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* 2011;63:433-440.
22. Corrêa A, Silva M, Corrêa G, et al. Desempenho de codornas de corte oriundas de diferentes classes de idades da matriz e de peso dos ovos. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* 2012;64:380-388.
23. Ricklefs RE, Hahn DC, Montevecchi WA. The relationship between egg size and chick size in the Laughing Gull and Japanese Quail. *The Auk* 1978;135-144.
24. Marks H. Relationship of embryonic development to egg weight, hatch weight, and growth in Japanese quail. *Poultry science* 1975;54:1257-1262.
25. Tserveni-Gousi A. Relationship between parental age, egg weight and hatching weight of Japanese quail. *British Poultry Science* 1987;28:749-752.
26. Saatci M, Omed H, Ap Dewi I. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. *Poultry science* 2006;85:185-190.
27. Khaldari M, Pakdel A, Yegane HM, et al. Response to selection and genetic parameters of body and carcass weights in Japanese quail selected for 4-week body weight. *Poultry science* 2010;89:1834-1841.
28. Resende RO, Martins E, Georg P, et al. Variance components for body weight in Japanese quails (*Coturnix japonica*). *Revista Brasileira de Ciência Avícola* 2005;7:23-25.
29. Saatci M, Ap Dewi I, Aksoy A. Application of REML procedure to estimate the genetic parameters of weekly liveweights in one-to-one sire and dam pedigree recorded Japanese quail. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 2003;120:23-28.
30. Magda I, Abo Samaha M, Sharaf M, et al. Phenotypic and genetic estimates of some productive and reproductive traits in Japanese quails. *Egyptian Poultry Science* 2010;30:875-892.
31. Sohrabi S, Esmailizadeh A, Baghizadeh A, et al. Quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits in an F2 intercross between two strains of Japanese quail. *Animal Production Science* 2012.

CAPÍTULO 4 – CORRELAÇÃO ENTRE NÚMERO DE FILHOTES E CARACTERÍSTICAS FENOTÍPICAS EM CODORNAS (*Coturnix japonica*)

Resumo

O objetivo deste trabalho foi verificar quais características: peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD) estão relacionadas com quantidade de filhos (QF) em famílias oriundas de um plantel comercial de codornas. Para o desenvolvimento do trabalho foi instalado um experimento com sete gaiolas contendo seis fêmeas e dois machos, resultando em uma progênie de 669 indivíduos. Os dados obtidos foram utilizados para realizar estatísticas descritivas, correlações de Pearson, teste t e teste U de Mann-Whitney. A média de filhotes por fêmea foi 15,93 e de machos 44,6. Em média, as fêmeas apresentaram mais pesadas que os machos. A QF só foi correlacionada com o CC das fêmeas. Nas fêmeas o P está correlacionada com CC, CB com AB, LB com CD e CT com CD e nos machos o P com CC e LB com CT. Houve diferença significativa entre o peso dos machos mais pesados em relação aos mais leves, mas a comparação da QF por categoria de peso não foi significativa. A partir desses resultados foi possível concluir que as fêmeas são mais pesadas que os machos e que a QF só está correlacionada com o CC das fêmeas e que houve diferença significativa entre o peso dos machos mais pesados em relação aos mais leves.

Palavras-chave: codorna japonesa, correlação de Pearson, medidas morfométricas, seleção sexual.

CHAPTER 4 – CORRELATION BETWEEN THE NUMBER OF OFFSPRING AND PHENOTYPIC TRAITS IN QUAILS (*Coturnix japonica*)

Abstract

This study aimed to determine which of the following traits: Weight (P), body length (CC), beak length (CB), beak height (AB), beak width (LB), wing length (CA), tarsus length (CT), and toe length (CD), are related to the amount of offspring (QF) in quail families from a commercial breeding. It was used seven cages containing six females and two males, which produced a progeny of 669 individuals. The data obtained were used to perform descriptive statistics, Pearson correlations, t-test and U-test of Mann-Whitney. The average number of offspring was 15.93 per female and 44.6 per males. In average, females were heavier than males. QF was correlated only with CC in females. It was found correlations between P and CC, CB and AB, LB and CD, CT and CD in females. In males, P was correlated to CC, and LB was correlated to CT. There was significant difference in weight when compared heavier males with lighter ones, but the comparison of QF in weight categories was not significant. Considering these results, could be concluded that females are heavier than males, and that QF is only correlated with CC in females. A significant difference was found between heavier males when compared to lighter ones.

Key words: Japanese quail, morphometric measures, Pearson correlation, sexual selection.

Introdução

As codornas são originárias do norte da África, da Europa e da Ásia, pertencendo à ordem dos *Galliformes*, família dos *Fasianídeos* (*Phasianidae*) e da subfamília dos *Perdicinae*. Pertencem a mesma família das galinhas domésticas e perdizes¹⁻⁴. As espécies selvagens (codorna comum e codornas japonesas) são morfologicamente muito semelhantes, existem alguns critérios que permitem a diferenciação das duas espécies, tais como: comprimento da asa dobrada em relação ao comprimento do tarso, a forma das penas, o canto, estrutura dos machos e maturidade sexual⁴⁻⁷.

A espécie *Coturnix japonica* apresenta dimorfismo sexual, com as fêmeas apresentando tamanhos maiores que os machos e também diferindo no padrão de plumagem. Apresentam grande número de cromossomos, com cariótipo $2n = 76 + Z/W$ e não apresentam diferenças entre as formas selvagens e domesticadas. A cor da plumagem do tipo selvagem é predominantemente escura, as fêmeas têm penas do peito pálidas com pintas escuras e os machos têm penas escuras uniformes de cor castanha^{4,7}.

A seleção sexual é o processo no qual a seleção natural promove a manutenção de características que asseguram a sobrevivência e fecundidade dos indivíduos, sugerindo que estas características podem evoluir quando resultam em vantagens reprodutivas a um indivíduo quando competindo contra outros do mesmo sexo, ou quando aumentam as chances de serem selecionados por indivíduos de outro sexo para o acasalamento. Desse modo, certas particularidades aparecem em um dos sexos e são hereditárias nesse sexo, sendo mais visíveis em machos de espécies poligâmicas, assegurando aos machos mais vigorosos e melhor adaptado, o maior número de descendentes. A seleção sexual desenvolve nos machos caracteres que são importantes nas rivalidades ou lutas com outros machos, caracteres que podem ser transmitidos somente a um sexo ou aos dois, seguindo a forma de herança predominante na espécie⁸.

A produção de ovos e carne de codornas tem sido considerada uma produção alternativa e vantajosa, já que a codorna possui pequeno porte, rápido crescimento, boa adaptabilidade, maturidade sexual precoce, elevada taxa de postura, grande resistência a enfermidades, baixo consumo de ração e fácil manejo^{1,4,6,9-12}.

A produção de codornas vem aumentando de maneira considerável, desde a sua implantação como atividade avícola econômica, em virtude do consumo em larga escala de carne e ovos por vários países do mundo, principalmente na China, Japão, Brasil, França e

Espanha ². O Brasil apresenta produção de codornas predominantemente voltada para produção de ovos ^{2,9,13}.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi verificar quais das características morfométricas (peso, comprimento do corpo, comprimento do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo) estão relacionadas com a quantidade de filhos em famílias oriundas de um plantel comercial de codornas (*Coturnix japonica*).

Material e Métodos

Para o desenvolvimento do trabalho foi instalado um experimento na granja da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG, com matrizes de codornas japonesas, provenientes da Granja Fujikura, Suzano (SP), conforme descrito no cap. 2.

Destes animais foram obtidas amostras de sangue com o auxílio de um capilar de vidro e as variáveis morfométricas: peso (g), comprimento total do corpo sem penas (cm), comprimento do bico ou do cúlmen (mm), medido da base até a ponta do bico, altura do bico na base (mm), largura do bico na base (mm), comprimento da asa (cm), comprimento do tarso (mm) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (mm) ¹⁴, além de acompanhamento da produção de ovos durante quatro meses.

A determinação da paternidade e maternidade dos filhotes foi realizada a partir dos genótipos obtidos a partir de marcadores microssatélites, de acordo com a metodologia descrita no capítulo 2. A partir desta análise foi montada uma matriz de dados com os parentais e o número de filhotes de cada um. Esta matriz dos parentais com suas variáveis morfométricas e o número de filhotes foi utilizada para realizar as correlações de Pearson entre as variáveis: quantidade de filhos, peso, comprimento do corpo, comprimento do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo. Elas foram estimadas utilizando o programa BioEstat 5.0 ¹⁵.

As análises estatísticas descritivas foram obtidas utilizando o programa Systat 12 ¹⁶. Para a comparação das médias das variáveis analisadas entre fêmeas e machos foi utilizado o teste t, para amostras independentes. Os machos foram separados em duas categorias: leves e pesados para cada gaiola, a fim de verificar se os machos maiores

tinham mais filhos que os menores, utilizado o teste U de Mann-Whitney no programa BioEstat 5.0¹⁵.

Resultados e Discussão

A partir da análise de vínculo genético, realizada no capítulo 2, foi verificada a quantidade de filhos para cada fêmea (Tabela 1) e para cada macho (Tabela 2). A média de filhotes por fêmea foi 15,93, variando entre 1 e 27. Para os machos, a média de filhos foi igual a 44,6, variando entre 2 e 77. Alguns animais morreram ao longo do experimento, consequentemente algumas gaiolas ficaram com menos animais. As fêmeas que morreram no decorrer do experimento foram: G1-M2, G1-M3, G6-M2, G7-M1, G7-M4, G7-M5 e G8-M1. Dos machos, apenas um, o G4-P1, morreu no começo do experimento e foi substituído. Sendo assim, foram considerados 15 machos.

Tabela 1. Quantidade de filhos (QF) por fêmea de *Coturnix japonica*, obtidos a partir do teste de paternidade realizado com marcadores microssatélites em progênes oriundas do experimento.

Fêmeas	QF	Fêmeas	QF	Fêmeas	QF
G1-M1	19	G4-M3	10	G6-M5	23
G1-M2	12	G4-M4	23	G6-M6	17
G1-M3	05	G4-M5	07	G7-M1	01
G1-M4	25	G4-M6	12	G7-M2	20
G1-M5	14	G5-M1	20	G7-M3	20
G1-M6	20	G5-M2	20	G7-M4	17
G2-M1	19	G5-M3	08	G7-M5	18
G2-M2	15	G5-M4	15	G7-M6	20
G2-M3	10	G5-M5	18	G8-M1	05
G2-M4	16	G5-M6	15	G8-M2	12
G2-M5	18	G6-M1	27	G8-M3	25
G2-M6	18	G6-M2	01	G8-M4	14
G4-M1	22	G6-M3	14	G8-M5	24
G4-M2	21	G6-M4	14	G8-M6	15

Tabela 2. Quantidade de filhos (QF) por macho de *Coturnix japonica*, obtidos a partir do teste de paternidade realizado com marcadores microssatélites em progênie oriundas do experimento.

Machos	QF	Machos	QF	Machos	QF
G1-P1	68	G4-P2	51	G6-P2	57
G1-P2	27	G4-P3	42	G7-P1	27
G2-P1	77	G5-P1	51	G7-P2	69
G2-P2	19	G5-P2	45	G8-P1	64
G4-P1	2	G6-P1	39	G8-P2	31

Os valores obtidos das estatísticas descritivas (número de indivíduos, valores mínimos e máximos, médias, desvio padrão, variância e coeficiente de variação) para as fêmeas (Tabela 3) e para os machos (Tabela 4) para as variáveis: quantidade de filhos, peso, comprimento do corpo, comprimento do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo, apresentaram muita diferença entre os valores mínimo e máximo, com alta variância. Essas diferenças foram maiores para a quantidade de filhos, provavelmente em função da morte de alguns animais, no decorrer do experimento. Os testes de significância para as variáveis analisadas estão apresentados na tabela 5.

Tabela 3. Número de indivíduos (N), mínimo, máximo, média, desvio padrão (DP), variância e coeficiente de variação (CV) para as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD), para as fêmeas de *Coturnix japonica*.

Variável	N	Mínimo	Máximo	Média	±DP	Variância	CV
QF	42	1,00	27,00	15,93	6,28	39,39	39,4
P	42	154,10	237,40	186,33	16,03	256,90	8,6
CC	42	16,00	19,50	17,75	0,88	0,77	4,9
CB	42	9,29	16,86	12,94	1,68	2,81	13,0
AB	42	6,68	9,31	7,74	0,61	0,37	7,9
LB	42	10,21	14,56	12,64	1,12	1,25	8,8
CA	42	8,00	10,50	9,08	0,62	0,39	6,9
CT	42	23,23	36,37	28,69	2,75	7,55	9,6
CD	42	31,63	40,17	36,48	2,00	3,99	5,5

Tabela 4. Número de indivíduos (N), mínimo, máximo, média, desvio padrão (DP), variância e coeficiente de variação (CV) para as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD), para os machos de *Coturnix japonica*.

Variável	N	Mínimo	Máximo	Média	±DP	Variância	CV
QF	15	2,00	77,00	44,60	20,90	436,97	46,9
P	15	130,90	188,20	159,95	16,20	262,36	10,1
CC	15	16,50	19,00	17,40	0,66	0,44	3,8
CB	15	10,08	16,03	13,09	1,50	2,26	11,5
AB	15	6,41	9,34	7,84	0,77	0,60	9,9
LB	15	10,11	14,79	13,25	1,26	1,59	9,5
CA	15	7,50	10,50	8,90	0,74	0,54	8,3
CT	15	23,83	31,75	27,86	2,48	6,14	8,9
CD	15	32,90	37,29	35,02	1,31	1,72	3,7

Tabela 5. Teste de significância para as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo (CD), entre machos e fêmeas de *Coturnix japonica*.

Variável	Médias		t	p (bilateral)
	Machos	Fêmeas		
QF	44,60	15,93	5,2286	0,0001
P	159,95	186,33	-5,4569	< 0,0001
CC	17,40	17,75	-1,4050	0,1656
CB	13,09	12,94	0,3222	0,7485
AB	7,84	7,74	0,4691	0,6408
LB	13,25	12,64	1,7579	0,0842
CA	8,90	9,08	-0,9313	0,3557
CT	27,86	28,69	-1,0284	0,3082
CD	35,02	36,48	-3,1812	0,0029

Em média, as fêmeas apresentaram mais pesadas e maiores que os machos, mas apenas a diferença para peso foi significativa. Dimorfismo sexual é comum entre os vertebrados, os machos costumam serem maiores que as fêmeas, explicado pela seleção

sexual favorecendo os machos maiores. Mas em algumas espécies as fêmeas podem ser maiores, tendo vantagem tais como produção maior de ovos, maior tamanhos e incubação mais eficiente. O maior tamanho permite a ela melhor proteção da prole contra predadores de ninhos ¹⁷.

Diferentemente desse estudo, comparando as fêmeas e os machos, TSACHALIDIS et al. ¹⁸ utilizando as variáveis: peso, comprimento do corpo, bico, asa e tarso em *Coturnix coturnix coturnix*, encontraram que apenas para comprimento do tarso não houve diferença significativa entre os sexos ($p < 0,001$).

As correlações de Pearson entre as nove variáveis estão descritas nas Tabelas 6 e 7, para as fêmeas e machos, respectivamente.

Tabela 6. Correlações entre as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para as fêmeas de *Coturnix japonica*.

	QF	P	CC	CB	AB	LB	CA	CT	CD
QF	1,000								
P	0,183	1,000							
CC	0,309*	0,372*	1,000						
CB	0,163	0,027	0,077	1,000					
AB	-0,033	-0,258	-0,222	0,354*	1,000				
LB	-0,031	0,160	-0,172	-0,111	-0,263	1,000			
CA	0,179	0,191	0,106	0,109	-0,056	0,219	1,000		
CT	-0,132	0,228	-0,034	0,056	-0,155	0,255	-0,038	1,000	
CD	-0,045	0,222	0,204	-0,151	-0,276	0,389*	0,191	0,314*	1,000

Esses resultados mostram que a quantidade de filhos só foi correlacionado com o comprimento do corpo das fêmeas ($p < 0,05$), não sendo correlacionada com nenhuma das medidas realizadas nos machos. Nas fêmeas o peso está correlacionada com o comprimento do corpo, o comprimento do bico está correlacionado com a altura do bico, a largura do bico está correlacionada com o comprimento do dedo e o comprimento do tarso correlacionado com o comprimento do dedo. Para os machos as variáveis correlacionadas foram peso com o comprimento do corpo e largura do bico com o comprimento do tarso.

Tabela 7. Correlações entre as variáveis: quantidade de filhos (QF), peso (P), comprimento do corpo (CC), comprimento do bico (CB), altura do bico (AB), largura do bico (LB), comprimento da asa (CA), comprimento do tarso (CT) e comprimento do dedo mais comprido, com a unha (CD) para os machos de *Coturnix japonica*.

	QF	P	CC	CB	AB	LB	CA	CT	CD
QF	1,000								
P	-0,058	1,000							
CC	0,028	0,579*	1,000						
CB	-0,422	0,251	0,192	1,000					
AB	-0,413	0,031	-0,257	0,181	1,000				
LB	-0,495	0,058	-0,106	0,058	-0,090	1,000			
CA	-0,165	-0,232	-0,096	-0,340	0,108	0,152	1,000		
CT	-0,025	-0,088	-0,291	-0,269	0,084	0,592*	0,251	1,000	
CD	-0,328	0,347	0,263	0,169	-0,065	0,193	-0,059	0,150	1,000

Houve diferença significativa entre o peso dos machos mais pesados em relação aos mais leves, mas a compraração da quantidade de filhos por categoria de peso dos machos não foi significativa pelo teste U de Mann-Whitney, sugerindo mais uma vez que o tamanho do macho não afeta a quantidade de filhos. Muitos trabalhos com aves relacionam o tamanho de corpo como uma das características que influenciam diretamente a escolha do macho pela fêmea ¹⁹⁻²², consequentemente machos maiores teriam mais filhos que os menores, mas isto não foi comprovado neste estudo, com *Coturnix japonica*.

O padrão de dimorfismo sexual no tamanho do corpo, medido pelo comprimento do tarso e no comprimento da cauda, em espécies de passáros norte-americano, com sistemas de acasalamento monogâmicos e poligâmicos, sugere que o sistema de acasalamento afeta diretamente a escolha do macho pela fêmea para estas características, em animais que apresentam sistema de acasalamento poligâmico, no entanto, o sistema de acasalamento e o dimorfismo sexual foram fracamente correlacionados ¹⁹.

Em codornas de outra espécie, o tamanho do macho foi favorecido para competição entre machos e pela escolha da fêmea. O grau de dimorfismo (comprimento do tarso) foi importante na escolha da fêmea, pois elas preferem os machos grandes e dominantes. O tamanho do corpo é muitas vezes atribuída à seleção intrasexual pois os machos maiores têm maior probabilidade de dominar concorrentes menores. O tamanho

está correlacionado negativamente com a taxa de agressão nestas codornas, o que sugere que os machos maiores não têm que fazer valer da agressão tão frequentemente quanto os menores. Diferenças interespecíficas na seleção sexual foram consistentes com os padrões de dimorfismo de tamanho de corpo. No entanto, padrões de comportamento, como a correlação entre a escolha do sexo feminino e competição entre machos, exigem um estudo mais aprofundado. Alguns enfeites de plumagem, como plumas, também desempenham um papel importante na seleção sexual ²⁰.

Preferências das fêmeas por sinais indicativos de qualidade masculina é um tema notável dentro da ordem Galliforme. HAGELIN & LIGON ²¹ realizaram trabalho com duas outras espécies de codornas *Callipepla gambelii* e *squamata*, utilizando algumas medidas morfométricas (comprimento de asa, de tarso, cauda, cúlmen e peso) e características de plumagem relacionadas a escolha das fêmeas. Para *C. squamata* a escolha da fêmea não está correlacionada com quaisquer medidas morfométricas ou características de plumagem. Para *C. gambelii*, a escolha do sexo feminino está correlacionada com machos de maior tamanho.

SARDÀ-PALOMERA et al. ²² sugeriram que a condição corporal é um fator importante na escolha das fêmeas e que machos com melhor estado corporal tendem a se agregar, enquanto que machos em pior situação esperam por oportunidades para copular.

Em população selvagem de codornas comuns, utilizando algumas medidas (índice de condição corporal, comprimento de asa, de tarso, cúlmen e peso), verificaram-se que o novo parceiro sempre teve um maior peso e comprimento de tarso comparado com o parceiro velho. Os machos não diferiram nas outras medições. Interações físicas entre os machos também contribuem para o estabelecimento da hierarquia do sexo masculino e, portanto, para o sucesso do acasalamento ²³.

Também em população selvagem de codornas comuns, verificaram-se que alguns indivíduos são poligâmicos e outros formam casais, mas quando um macho novo está em melhores condições do que o outro, a fêmea estabelece um vínculo com o novo parceiro para a reprodução ²⁴.

Estes resultados podem ser explicados pela formação das gaiolas, pois a maioria dos trabalhos encontrados foram realizados com aves selvagens e fora de gaiolas. Neste estudo os animais estavam em gaiolas e não tinham muita opção de escolha dos companheiros para acasalamento.

Conclusão

A partir desses resultados é possível concluir que as fêmeas são mais pesadas que os machos e que a quantidade de filhos só está correlacionada com o comprimento do corpo das fêmeas, não sendo correlacionada com nenhuma das medidas realizadas nos machos e que houve diferença significativa entre o peso dos machos mais pesados em relação aos mais leves, mas a comparação da quantidade de filhos por categoria de peso não foi significativa, sugerindo mais uma vez que o tamanho do macho não afeta a quantidade de filhos.

Referências

1. Pinto R, Ferreira AS, Albino LFT, et al. Níveis de proteína e energia para codornas japonesas em postura. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2002;31:1761-1770.
2. Minvielle F. The future of Japanese quail for research and production. *World's Poultry Science Journal* 2004;60:500-507.
3. Vali N. The Japanese quail: A review. *International Journal of Poultry Science* 2008;7:925-931.
4. Mills AD, Crawford LL, Domjan M, et al. The behavior of the Japanese or domestic quail *Coturnix japonica*. *Neuroscience & Biobehavioral Reviews* 1997;21:261-281.
5. Deregnaucourt S, Guyomarc'h JC. Mating call discrimination in female European (*Coturnix c. coturnix*) and Japanese Quail (*Coturnix c. japonica*). *Ethology* 2003;109:107-119.
6. Schmid I, Wechsler B. Behaviour of Japanese quail (*Coturnix japonica*) kept in semi-natural aviaries. *Applied Animal Behaviour Science* 1997;55:103-112.
7. MIZUTANI M. The Japanese Quail In: Chang HL, Huang YC, eds. *The Relationship Between Indigenous Animals and Humans in the APEC Region*. Tainan: Chinese Society of Animal Science, 2003;143-163.
8. Darwin C. *Origem das espécies*. Tradução de Joaquim da Mesquita Paul. Porto: Livraria Chardron de Léo & Irmao, 2003.
9. Sakamoto MI, Murakami AE, SOUZA L, et al. Valor energético de alguns alimentos alternativos para codornas japonesas. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2006;35:818-821.
10. Barreto SLT, Pereira CA, Umigi RT, et al. Determinação da exigência nutricional de cálcio de codornas japonesas na fase inicial do ciclo de produção. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2007;36:68-78.
11. Oliveira NTE, Silva MA, Soares RTRN, et al. Exigências de proteína bruta e energia metabolizável para codornas japonesas criadas para a produção de carne. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2002;31.

12. Sharma D, Rao KBCA, Totey S. Measurement of within and between population genetic variability in quails. *British Poultry Science* 2000;41:29-32.
13. Móri C, Garcia EA, Pavan AC, et al. Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para produção de carne. *Revista Brasileira de Zootecnia* 2005;34:870-876.
14. SICK H. *Ornitologia Brasileira*. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1997.
15. AYRES M, AYRES JUNIOR M, AYRES D, et al. BioEstat 5.0: Instituto de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá/IDSM/MCT/CNPq. Available from:<<http://www.mamiraua.org.br/download/>>. Access in, 2007.
16. Wilkinson L. SYSTAT 12 for Windows: more statistics, more graphics, less effort. 12.00.09 ed: Systat Software, 2007.
17. ANDERSSON M, Norberg R. Evolution of reversed sexual size dimorphism and role partitioning among predatory birds, with a size scaling of flight performance. *Biological Journal of the Linnean Society* 1981;15:105-130.
18. Tsachalidis E, Paralikidis N, Tsiompanoudis A, et al. Morphometry, body mass and autumn diet of European quail (*Coturnix coturnix coturnix*) in Evros and Chios, Greece. *Wildlife Biology in Practice* 2007;3:9-17.
19. Björklund M. A phylogenetic interpretation of sexual dimorphism in body size and ornament in relation to mating system in birds. *Journal of Evolutionary Biology* 1990;3:171-183.
20. Hagelin JC. The kinds of traits involved in male—male competition: a comparison of plumage, behavior, and body size in quail. *Behavioral Ecology* 2002;13:32-41.
21. Hagelin JC, Ligon JD. Female quail prefer testosterone-mediated traits, rather than the ornate plumage of males. *Animal Behaviour* 2001;61:465-476.
22. Sardà-Palomera F, Puigcerver M, Vinyoles D, et al. Exploring male and female preferences, male body condition, and pair bonds in the evolution of male sexual aggregation: the case of the Common Quail (*Coturnix coturnix*). *Canadian Journal of Zoology* 2011;89:325-333.
23. Rodrigo-Rueda FJ, Rodriguez-Teijeiro JD, Puigerver M, et al. Mate Switching in a Non-monogamous Species? The Case of the Common Quail (*Coturnix coturnix*). *Ethology* 1997;103:355-364.
24. Rodríguez-Teijeiro J, Puigcerver M, Gallego S, et al. Pair bonding and multiple paternity in the polygamous common quail *Coturnix coturnix*. *Ethology* 2003;109:291-302.

CAPÍTULO 5 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Estes resultados permitem concluir que o painel composto por 12 marcadores microssatélites é robusto para a realização de análises de vínculo genético e para estudos de variabilidade genética na espécie *Coturnix japonica*. Este painel permitiu atribuir a paternidade e maternidade com bom nível de confiança para 97% das progênies.

Além disso, a diversidade encontrada é bastante elevada e não foi detectada endogamia nos indivíduos analisados, resultado que contradiz a ideia de produtores de ovos de codornas da existência de uma elevada endogamia nos plantéis de codornas japonesas criadas no Brasil.

Com os resultados da análise de vínculo genético foi possível identificar as famílias e a partir dessas famílias realizar as análises dos componentes de (co)variância e identificar a quantidade de filhos para cada genitor.

As variáveis analisadas nos ovos e o peso das progênies ao nascimento foram altamente correlacionadas. Os valores de herdabilidades estimados para as medidas morfométricas: peso, comprimento e largura do ovo, peso das progênies, comprimento do corpo, comprimento do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso e comprimento do dedo assumiram valores que variaram de moderados a altos, mostrando que estas variáveis são passíveis de ganhos genéticos.

As fêmeas, em média foram mais pesadas que os machos e a quantidade de filhos por genitor está correlacionada apenas com o comprimento do corpo nas fêmeas. Houve diferença significativa entre a média do peso dos machos mais pesados em relação aos mais leves, mas a comparação da quantidade de filhos por categoria de peso não foi significativa, sugerindo mais uma vez que o tamanho do macho não afeta a quantidade de filhos.

Os resultados encontrados neste estudo fornecem informações que podem ser úteis para futuros programas de melhoramento genético para a espécie *Coturnix japonica*.

APÊNDICES

Apêndice 1. Resultado do teste de paternidade realizado com as famílias de *Coturnix japonica*.

Progênies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G1-F1	12	G1-M3	G1-P1	1,30E+01	9,28E+00	*
G1-F2	12	G1-M4	G1-P2	1,90E+01	1,67E+01	*
G1-F3	11	G1-M2	G1-P2	1,28E+01	1,02E+01	*
G1-F4	12	G2-M5	G5-P1	-4,44E-01	0,00E+00	excluído
G1-F5	12	G1-M5	G1-P1	1,84E+01	1,84E+01	*
G1-F6	12	G1-M3	G1-P2	2,24E+01	1,63E+01	*
G1-F7	12	G1-M4	G1-P2	1,44E+01	9,06E+00	*
G1-F8	11	G1-M2	G1-P2	1,40E+01	1,40E+01	*
G1-F9	11	G1-M1	G1-P1	1,46E+01	1,21E+01	*
G1-F10	12	G1-M4	G1-P1	1,87E+01	1,87E+01	*
G1-F11	11	G1-M2	G1-P1	1,74E+01	1,74E+01	*
G1-F12	12	G1-M3	G1-P1	2,41E+01	2,04E+01	*
G1-F13	10	G1-M1	G1-P1	1,27E+01	9,53E+00	*
G1-F14	12	G1-M4	G1-P1	1,86E+01	1,86E+01	*
G1-F15	11	G1-M2	G1-P2	1,70E+01	1,70E+01	*
G1-F16	12	G1-M6	G1-P2	1,65E+01	1,52E+01	*
G1-F17	11	G1-M6	G1-P2	1,84E+01	1,46E+01	*
G1-F18	12	G1-M5	G1-P1	1,59E+01	1,53E+01	*
G1-F19	12	G1-M3	G1-P1	1,31E+01	9,32E+00	*
G1-F20	12	G1-M1	G1-P1	1,52E+01	1,50E+01	*
G1-F21	12	G1-M2	G1-P2	1,86E+01	1,86E+01	*
G1-F22	11	G1-M6	G1-P2	1,70E+01	1,53E+01	*
G1-F23	12	G1-M5	G1-P1	1,68E+01	1,68E+01	*
G1-F24	11	G1-M3	G1-P2	2,50E+01	2,20E+01	*
G1-F25	12	G1-M2	G1-P1	1,63E+01	1,47E+01	*
G1-F26	12	G1-M4	G1-P1	1,56E+01	1,53E+01	*
G1-F27	12	G1-M1	G1-P2	1,84E+01	1,25E+01	*
G1-F1-2	12	G1-M1	G1-P1	1,37E+01	9,11E+00	*
G1-F2-2	11	G1-M6	G1-P2	1,87E+01	1,87E+01	*
G1-F3-2	12	G1-M4	G1-P1	1,31E+01	8,98E+00	*
G1-F4-2	12	G1-M5	G1-P2	1,94E+01	1,94E+01	*
G1-F5-2	11	G1-M2	G1-P2	1,65E+01	1,12E+01	*
G1-F6-2	12	G1-M6	G1-P1	1,72E+01	1,72E+01	*
G1-F7-2	11	G1-M2	G1-P1	1,56E+01	1,56E+01	*
G1-F8-2	12	G1-M1	G1-P1	1,65E+01	1,04E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G1-F9-2	12	G1-M4	G1-P1	1,70E+01	1,45E+01	*
G1-F10-2	12	G1-M4	G1-P2	2,01E+01	1,87E+01	*
G1-F11-2	12	G1-M1	G1-P1	1,87E+01	1,52E+01	*
G1-F12-2	12	G1-M6	G1-P1	1,96E+01	1,24E+01	*
G1-F14-2	12	G1-M2	G1-P2	1,76E+01	1,76E+01	*
G1-F15-2	11	G1-M6	G1-P2	1,78E+01	1,20E+01	*
G1-F16-2	12	G1-M5	G1-P1	1,73E+01	1,73E+01	*
G1-F17-2	12	G1-M2	G1-P1	1,64E+01	1,26E+01	*
G1-F19-2	12	G1-M1	G1-P2	1,84E+01	1,14E+01	*
G1-F20-2	12	G1-M6	G1-P1	1,61E+01	1,61E+01	*
G1-F21-2	11	G1-M2	G1-P1	1,34E+01	9,96E+00	*
G1-F22-2	12	G1-M4	G1-P1	1,68E+01	1,61E+01	*
G1-F25-2	11	G1-M2	G1-P2	1,40E+01	1,40E+01	*
G1-F1-3	12	G1-M1	G1-P1	1,44E+01	1,28E+01	*
G1-F2-3	12	G1-M5	G1-P2	2,22E+01	2,22E+01	*
G1-F3-3	12	G1-M4	G1-P1	1,58E+01	1,38E+01	*
G1-F4-3	11	G1-M6	G1-P1	1,47E+01	1,47E+01	*
G1-F6-3	10	G1-M6	G1-P2	2,15E+01	1,99E+01	*
G1-F7-3	12	G1-M4	G1-P1	1,64E+01	1,64E+01	*
G1-F10-3	12	G1-M4	G1-P1	1,87E+01	1,87E+01	*
G1-F11-3	12	G1-M4	G1-P1	1,54E+01	1,54E+01	*
G1-F16-3	12	G1-M5	G1-P1	1,65E+01	1,65E+01	*
G1-F17-3	12	G1-M5	G1-P2	1,98E+01	1,81E+01	*
G1-F18-3	10	G1-M6	G1-P1	1,33E+01	1,03E+01	*
G1-F1-4	11	G1-M6	G1-P1	1,53E+01	1,47E+01	*
G1-F2-4	12	G1-M4	G1-P1	1,89E+01	1,87E+01	*
G1-F3-4	12	G1-M1	G1-P1	1,78E+01	1,64E+01	*
G1-F4-4	12	G1-M5	G1-P1	1,83E+01	1,59E+01	*
G1-F5-4	12	G1-M1	G1-P1	1,37E+01	1,13E+01	*
G1-F6-4	12	G1-M4	G1-P1	1,80E+01	1,26E+01	*
G1-F7-4	11	G1-M6	G1-P1	1,67E+01	1,67E+01	*
G1-F9-4	11	G1-M1	G1-P1	1,27E+01	1,04E+01	*
G1-F10-4	12	G1-M6	G1-P1	1,60E+01	1,60E+01	*
G1-F11-4	12	G1-M4	G1-P1	1,58E+01	1,45E+01	*
G1-F12-4	12	G1-M4	G1-P1	1,52E+01	1,31E+01	*
G1-F13-4	12	G1-M1	G1-P1	1,53E+01	1,53E+01	*
G1-F14-4	12	G1-M4	G1-P1	1,68E+01	1,67E+01	*
G1-F15-4	12	G1-M1	G1-P1	1,79E+01	1,79E+01	*
G1-F16-4	11	G1-M6	G1-P1	1,58E+01	1,58E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G1-F17-4	12	G1-M5	G1-P1	1,99E+01	1,99E+01	*
G1-F19-4	12	G1-M4	G1-P1	1,85E+01	1,85E+01	*
G1-F1-5	12	G1-M5	G1-P1	1,67E+01	1,67E+01	*
G1-F2-5	11	G1-M1	G1-P1	1,59E+01	1,48E+01	*
G1-F3-5	9	G1-M6	G1-P1	1,57E+01	1,30E+01	*
G1-F4-5	12	G1-M4	G1-P1	1,73E+01	1,70E+01	*
G1-F5-5	12	G1-M1	G1-P1	1,69E+01	1,50E+01	*
G1-F7-5	12	G1-M4	G1-P1	1,46E+01	1,46E+01	*
G1-F8-5	11	G1-M6	G1-P2	1,83E+01	1,47E+01	*
G1-F9-5	12	G1-M5	G1-P1	2,00E+01	2,00E+01	*
G1-F10-5	11	G1-M1	G1-P1	1,33E+01	6,68E+00	+
G1-F11-5	12	G1-M4	G1-P1	1,47E+01	1,47E+01	*
G1-F12-5	11	G1-M6	G1-P2	2,03E+01	1,70E+01	*
G1-F13-5	12	G1-M6	G1-P1	1,58E+01	1,58E+01	*
G1-F14-5	12	G1-M5	G1-P2	2,10E+01	2,10E+01	*
G1-F15-5	12	G1-M1	G1-P1	1,81E+01	1,81E+01	*
G1-F16-5	12	G1-M4	G1-P1	1,68E+01	1,68E+01	*
G1-F17-5	11	G1-M6	G1-P1	1,30E+01	1,08E+01	*
G1-F18-5	12	G1-M4	G1-P1	1,83E+01	1,50E+01	*
G1-F19-5	12	G1-M5	G1-P2	2,12E+01	2,12E+01	*
G1-F20-5	12	G1-M4	G1-P1	1,43E+01	1,43E+01	*
G1-F21-5	12	G1-M1	G1-P1	1,68E+01	1,58E+01	*
G2-F1	12	G2-M4	G2-P1	2,17E+01	2,06E+01	*
G2-F2	11	G2-M2	G2-P1	2,00E+01	2,00E+01	*
G2-F3	12	G2-M6	G2-P1	1,75E+01	1,59E+01	*
G2-F4	12	G2-M1	G2-P1	1,87E+01	1,87E+01	*
G2-F5	11	G2-M5	G2-P1	1,49E+01	1,45E+01	*
G2-F6	11	G2-M1	G2-P2	2,36E+01	1,72E+01	*
G2-F7	11	G2-M6	G2-P1	1,25E+01	8,86E+00	*
G2-F8	12	G2-M2	G2-P1	2,37E+01	2,37E+01	*
G2-F9	11	G2-M3	G2-P1	1,60E+01	1,11E+01	*
G2-F10	12	G2-M5	G2-P1	1,66E+01	1,39E+01	*
G2-F12	12	G2-M4	G2-P1	2,49E+01	2,49E+01	*
G2-F14	12	G2-M3	G2-P1	1,47E+01	1,36E+01	*
G2-F16	11	G2-M5	G2-P2	1,96E+01	1,61E+01	*
G2-F17	12	G2-M6	G2-P1	1,73E+01	1,51E+01	*
G2-F18	12	G2-M4	G2-P1	2,35E+01	2,02E+01	*
G2-F19	12	G2-M2	G2-P1	2,21E+01	1,57E+01	*
G2-F21	12	G2-M3	G2-P1	1,59E+01	1,55E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G2-F22	10	G2-M2	G2-P1	2,25E+01	2,18E+01	*
G2-F23	12	G2-M5	G2-P1	1,81E+01	1,05E+01	*
G2-F25	12	G2-M4	G2-P1	2,50E+01	2,50E+01	*
G2-F26	12	G2-M6	G2-P1	1,58E+01	1,39E+01	*
G2-F27	12	G2-M1	G2-P1	1,60E+01	1,59E+01	*
G2-F29	12	G2-M2	G2-P1	1,99E+01	1,99E+01	*
G2-F30	10	G2-M1	G2-P2	1,62E+01	1,38E+01	*
G2-F31	12	G2-M3	G2-P1	1,79E+01	1,61E+01	*
G2-F32	12	G2-M4	G2-P1	2,95E+01	2,95E+01	*
G2-F1-2	12	G2-M4	G2-P1	1,82E+01	1,82E+01	*
G2-F3-2	12	G2-M1	G2-P2	2,14E+01	2,14E+01	*
G2-F4-2	12	G2-M2	G2-P1	2,49E+01	2,28E+01	*
G2-F5-2	12	G2-M6	G2-P1	1,71E+01	1,39E+01	*
G2-F6-2	11	G2-M4	G2-P1	2,03E+01	2,03E+01	*
G2-F7-2	12	G2-M1	G2-P1	2,39E+01	2,39E+01	*
G2-F8-2	8	G2-M5	G2-P1	1,16E+01	5,23E+00	-
G2-F9-2	12	G2-M1	G2-P2	2,67E+01	2,30E+01	*
G2-F10-2	12	G2-M4	G2-P1	2,69E+01	2,68E+01	*
G2-F12-2	12	G2-M6	G2-P1	1,74E+01	8,97E+00	*
G2-F13-2	12	G2-M5	G2-P1	1,67E+01	1,46E+01	*
G2-F15-2	12	G2-M1	G2-P2	2,43E+01	1,13E+01	*
G2-F16-2	12	G2-M2	G2-P1	1,93E+01	1,93E+01	*
G2-F19-2	12	G2-M6	G2-P1	1,62E+01	1,62E+01	*
G2-F20-2	12	G2-M2	G2-P1	1,82E+01	1,82E+01	*
G2-F21-2	12	G2-M5	G2-P1	1,85E+01	1,85E+01	*
G2-F23-2	10	G2-M1	G2-P2	1,96E+01	1,45E+01	*
G2-F24-2	12	G2-M5	G2-P1	1,84E+01	1,54E+01	*
G2-F25-2	12	G2-M4	G2-P1	1,98E+01	1,98E+01	*
G2-F26-2	11	G2-M2	G2-P1	2,44E+01	2,44E+01	*
G2-F27-2	12	G2-M6	G2-P1	1,83E+01	1,48E+01	*
G2-F1-3	12	G2-M6	G2-P1	1,97E+01	1,80E+01	*
G2-F2-3	12	G2-M4	G2-P1	2,52E+01	2,52E+01	*
G2-F3-3	12	G2-M1	G2-P1	1,67E+01	1,67E+01	*
G2-F4-3	12	G2-M5	G2-P1	1,78E+01	1,42E+01	*
G2-F5-3	11	G2-M2	G2-P1	2,25E+01	2,10E+01	*
G2-F7-3	12	G2-M2	G2-P2	2,29E+01	2,29E+01	*
G2-F8-3	12	G2-M6	G2-P1	2,19E+01	2,19E+01	*
G2-F9-3	12	G2-M4	G2-P1	2,31E+01	2,31E+01	*
G2-F10-3	10	G2-M1	G2-P2	2,54E+01	1,95E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G2-F11-3	12	G2-M6	G2-P1	1,71E+01	1,33E+01	*
G2-F12-3	12	G2-M2	G2-P2	2,47E+01	2,32E+01	*
G2-F13-3	12	G2-M1	G2-P1	2,31E+01	2,31E+01	*
G2-F14-3	12	G2-M5	G2-P1	1,54E+01	9,27E+00	*
G2-F15-3	8	G2-M4	G2-P1	1,32E+01	1,13E+01	*
G2-F17-3	11	G2-M2	G2-P1	2,18E+01	1,58E+01	*
G2-F18-3	12	G2-M4	G2-P1	2,49E+01	2,49E+01	*
G2-F20-3	11	G2-M5	G2-P1	1,49E+01	1,49E+01	*
G2-F21-3	12	G2-M5	G2-P1	1,59E+01	8,62E+00	*
G2-F22-3	11	G2-M2	G2-P1	1,99E+01	1,86E+01	*
G2-F23-3	12	G2-M6	G2-P1	1,51E+01	1,02E+01	*
G2-F27-3	11	G2-M1	G2-P2	2,72E+01	2,34E+01	*
G2-F28-3	12	G2-M4	G2-P1	2,20E+01	2,02E+01	*
G2-F1-4	12	G2-M4	G2-P1	2,72E+01	2,49E+01	*
G2-F2-4	12	G2-M5	G2-P1	1,60E+01	1,60E+01	*
G2-F3-4	12	G2-M3	G2-P1	1,88E+01	1,63E+01	*
G2-F4-4	12	G2-M6	G2-P1	1,77E+01	1,53E+01	*
G2-F5-4	11	G2-M1	G2-P2	2,28E+01	1,78E+01	*
G2-F7-4	12	G2-M5	G2-P1	1,79E+01	1,42E+01	*
G2-F8-4	12	G2-M3	G2-P1	1,57E+01	1,47E+01	*
G2-F9-4	12	G2-M4	G2-P1	2,67E+01	2,67E+01	*
G2-F10-4	12	G2-M1	G2-P1	1,81E+01	1,24E+01	*
G2-F11-4	12	G2-M6	G2-P1	1,95E+01	1,80E+01	*
G2-F12-4	11	G2-M1	G2-P2	2,56E+01	2,53E+01	*
G2-F13-4	12	G2-M3	G2-P1	1,59E+01	1,36E+01	*
G2-F14-4	11	G2-M5	G2-P2	2,10E+01	1,44E+01	*
G2-F15-4	12	G2-M1	G2-P2	2,23E+01	1,88E+01	*
G2-F16-4	12	G2-M6	G2-P1	1,62E+01	1,62E+01	*
G2-F17-4	11	G2-M3	G2-P1	1,44E+01	1,00E+01	*
G2-F19-4	12	G2-M1	G2-P1	1,66E+01	1,66E+01	*
G2-F20-4	12	G2-M3	G2-P1	1,70E+01	1,45E+01	*
G2-F21-4	12	G2-M1	G2-P2	2,37E+01	2,19E+01	*
G2-F22-4	12	G2-M5	G2-P1	1,84E+01	1,66E+01	*
G2-F23-4	11	G2-M6	G2-P1	1,59E+01	1,06E+01	*
G2-F24-4	11	G2-M3	G2-P2	2,01E+01	1,79E+01	*
G2-F3-5	11	G2-M6	G2-P2	2,33E+01	1,76E+01	*
G2-F4-5	12	G2-M5	G2-P1	1,88E+01	1,60E+01	*
G2-F8-5	11	G2-M5	G2-P2	1,91E+01	1,66E+01	*
G2-F9-5	12	G2-M6	G2-P1	2,02E+01	1,12E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progênies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G2-F10-5	12	G2-M2	G2-P1	2,41E+01	2,41E+01	*
G4-F1	11	G4-M6	G4-P2	1,99E+01	1,27E+01	*
G4-F2	12	G4-M5	G4-P1	1,92E+01	1,92E+01	*
G4-F4	8	G4-M4	G4-P2	1,45E+01	1,17E+01	*
G4-F5	12	G4-M4	G4-P1	1,67E+01	8,84E+00	*
G4-F8	11	G4-M1	G4-P2	1,70E+01	1,50E+01	*
G4-F9	11	G4-M3	G4-P2	1,52E+01	2,47E+00	-
G4-F12	11	G4-M1	G4-P2	1,61E+01	1,45E+01	*
G4-F13	11	G4-M6	G4-P3	1,82E+01	1,74E+01	*
G4-F14	11	G4-M5	G4-P2	1,96E+01	1,80E+01	*
G4-F16	11	G4-M4	G4-P2	2,14E+01	2,14E+01	*
G4-F17	12	G4-M1	G4-P3	1,84E+01	1,84E+01	*
G4-F19	11	G4-M1	G4-P2	1,94E+01	1,94E+01	*
G4-F21	10	G4-M6	G4-P3	1,23E+01	6,62E+00	+
G4-F22	12	G4-M4	G4-P3	2,09E+01	2,09E+01	*
G4-F23	7	G4-M1	G4-P2	7,78E+00	6,75E-01	-
G4-F24	11	G4-M2	G4-P2	1,50E+01	1,21E+01	*
G4-F25	11	G4-M5	G4-P3	1,69E+01	1,34E+01	*
G4-F1-2	12	G4-M4	G4-P3	1,86E+01	1,76E+01	*
G4-F2-2	12	G4-M3	G4-P3	2,03E+01	1,05E+01	*
G4-F3-2	12	G4-M1	G4-P2	1,70E+01	1,39E+01	*
G4-F5-2	12	G4-M2	G4-P2	1,92E+01	1,92E+01	*
G4-F6-2	11	G4-M6	G4-P3	1,61E+01	1,20E+01	*
G4-F7-2	12	G4-M2	G4-P2	2,56E+01	2,56E+01	*
G4-F8-2	10	G4-M3	G4-P2	1,29E+01	1,29E+01	*
G4-F9-2	12	G4-M1	G4-P2	1,61E+01	1,59E+01	*
G4-F12-2	11	G4-M1	G4-P2	1,62E+01	1,62E+01	*
G4-F13-2	11	G4-M4	G4-P3	1,58E+01	1,58E+01	*
G4-F16-2	11	G4-M6	G4-P2	1,91E+01	1,69E+01	*
G4-F17-2	11	G4-M3	G4-P2	1,67E+01	8,71E+00	*
G4-F18-2	11	G4-M2	G4-P3	1,55E+01	1,10E+01	*
G4-F19-2	11	G4-M1	G4-P2	1,81E+01	1,81E+01	*
G4-F20-2	12	G4-M4	G4-P3	2,23E+01	2,04E+01	*
G4-F22-2	12	G4-M2	G4-P2	2,07E+01	1,53E+01	*
G4-F24-2	11	G4-M6	G4-P3	1,81E+01	4,96E+00	-
G4-F25-2	12	G4-M6	G4-P3	2,12E+01	1,24E+01	*
G4-F26-2	11	G4-M3	G4-P3	1,31E+01	5,24E+00	-
G4-F27-2	11	G4-M4	G4-P2	1,73E+01	9,90E+00	*
G4-F28-2	11	G4-M2	G4-P2	1,65E+01	1,18E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G4-F1-3	7	G4-M1	G4-P3	7,87E+00	4,37E+00	-
G4-F2-3	11	G4-M5	G4-P2	2,28E+01	1,31E+01	*
G4-F3-3	12	G4-M4	G4-P3	2,30E+01	1,66E+01	*
G4-F4-3	12	G4-M2	G4-P2	1,78E+01	1,06E+01	*
G4-F6-3	11	G4-M3	G4-P2	1,88E+01	8,94E+00	*
G4-F7-3	12	G4-M2	G4-P2	1,95E+01	1,93E+01	*
G4-F8-3	11	G4-M4	G4-P3	2,06E+01	1,70E+01	*
G4-F9-3	12	G4-M5	G4-P3	1,85E+01	1,52E+01	*
G4-F11-3	11	G4-M6	G4-P3	1,66E+01	1,49E+01	*
G4-F13-3	12	G4-M2	G4-P2	2,28E+01	2,28E+01	*
G4-F15-3	11	G4-M4	G4-P2	1,71E+01	1,59E+01	*
G4-F17-3	12	G4-M1	G4-P2	1,72E+01	1,72E+01	*
G4-F18-3	11	G4-M1	G4-P3	1,52E+01	1,43E+01	*
G4-F20-3	12	G4-M2	G4-P2	2,00E+01	1,79E+01	*
G4-F21-3	11	G4-M6	G4-P3	1,88E+01	7,97E+00	*
G4-F22-3	11	G4-M4	G4-P2	2,18E+01	1,79E+01	*
G4-F23-3	12	G4-M5	G4-P3	2,02E+01	1,54E+01	*
G4-F25-3	11	G4-M2	G4-P3	1,34E+01	5,41E+00	-
G4-F26-3	11	G4-M5	G4-P3	1,89E+01	1,20E+01	*
G4-F28-3	11	G4-M4	G4-P2	2,21E+01	1,93E+01	*
G4-F29-3	10	G4-M6	G4-P3	1,77E+01	6,33E+00	+
G4-F1-4	11	G4-M4	G4-P2	2,11E+01	2,09E+01	*
G4-F2-4	11	G4-M4	G4-P2	1,78E+01	1,78E+01	*
G4-F4-4	12	G4-M2	G4-P2	2,06E+01	1,54E+01	*
G4-F5-4	12	G4-M1	G4-P2	1,45E+01	1,41E+01	*
G4-F7-4	11	G4-M4	G4-P3	1,98E+01	1,77E+01	*
G4-F8-4	11	G4-M6	G4-P3	2,05E+01	2,01E+01	*
G4-F10-4	12	G4-M2	G4-P2	2,08E+01	2,03E+01	*
G4-F11-4	12	G4-M1	G4-P3	1,67E+01	1,52E+01	*
G4-F12-4	12	G4-M1	G4-P2	1,79E+01	1,79E+01	*
G4-F13-4	9	G4-M3	G4-P2	1,11E+01	6,84E-01	-
G4-F14-4	11	G4-M6	G4-P3	2,22E+01	2,15E+01	*
G4-F15-4	12	G4-M2	G4-P2	2,23E+01	1,88E+01	*
G4-F16-4	11	G4-M4	G4-P2	1,76E+01	1,65E+01	*
G4-F20-4	12	G4-M2	G4-P2	1,71E+01	1,20E+01	*
G4-F21-4	12	G4-M4	G4-P3	2,09E+01	2,09E+01	*
G4-F24-4	11	G4-M1	G4-P2	1,83E+01	1,83E+01	*
G4-F26-4	11	G4-M3	G4-P3	1,85E+01	1,76E+01	*
G4-F1-5	12	G4-M1	G4-P2	1,73E+01	1,50E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G4-F2-5	11	G4-M4	G4-P3	1,87E+01	1,61E+01	*
G4-F3-5	12	G4-M2	G4-P2	1,94E+01	1,47E+01	*
G4-F5-5	10	G4-M3	G4-P3	1,23E+01	9,16E+00	*
G4-F6-5	12	G4-M1	G4-P2	1,82E+01	1,82E+01	*
G4-F7-5	12	G4-M2	G4-P2	1,83E+01	1,46E+01	*
G4-F9-5	12	G4-M4	G4-P3	2,24E+01	2,14E+01	*
G4-F10-5	12	G4-M3	G4-P3	2,18E+01	1,85E+01	*
G4-F11-5	12	G4-M4	G4-P3	2,16E+01	1,57E+01	*
G4-F12-5	12	G4-M1	G4-P2	1,59E+01	1,45E+01	*
G4-F13-5	12	G4-M2	G4-P2	2,18E+01	1,53E+01	*
G4-F15-5	12	G4-M2	G4-P3	1,95E+01	1,86E+01	*
G4-F16-5	11	G4-M1	G4-P3	1,50E+01	1,21E+01	*
G4-F17-5	0					excluído
G4-F18-5	12	G4-M4	G4-P3	1,96E+01	1,96E+01	*
G4-F19-5	11	G4-M1	G4-P3	1,43E+01	1,37E+01	*
G4-F20-5	12	G4-M2	G4-P2	1,96E+01	1,31E+01	*
G4-F22-5	12	G4-M4	G4-P3	1,77E+01	1,76E+01	*
G4-F23-5	12	G4-M2	G4-P2	2,00E+01	1,31E+01	*
G4-F24-5	11	G4-M1	G4-P3	1,68E+01	1,57E+01	*
G5-F2	10	G5-M1	G5-P1	1,63E+01	1,63E+01	*
G5-F4	11	G5-M3	G5-P2	1,30E+01	1,30E+01	*
G5-F5	12	G5-M6	G5-P1	1,85E+01	1,85E+01	*
G5-F6	11	G5-M3	G5-P2	1,63E+01	1,09E+01	*
G5-F7	12	G5-M4	G5-P1	1,65E+01	1,65E+01	*
G5-F8	11	G5-M1	G5-P1	2,01E+01	2,01E+01	*
G5-F9	12	G5-M6	G5-P1	1,88E+01	1,88E+01	*
G5-F10	12	G5-M5	G5-P1	1,79E+01	1,79E+01	*
G5-F11	12	G5-M2	G5-P2	1,82E+01	1,82E+01	*
G5-F12	11	G5-M1	G5-P1	1,90E+01	1,90E+01	*
G5-F13	11	G5-M6	G5-P2	1,41E+01	5,47E+00	-
G5-F15	10	G5-M2	G5-P2	1,14E+01	8,65E+00	*
G5-F16	12	G5-M6	G5-P2	1,39E+01	9,50E+00	*
G5-F18	11	G5-M2	G5-P2	1,99E+01	1,33E+01	*
G5-F19	12	G5-M4	G5-P2	1,69E+01	1,60E+01	*
G5-F20	11	G5-M1	G5-P1	1,88E+01	1,88E+01	*
G5-F21	12	G5-M5	G5-P1	2,37E+01	2,37E+01	*
G5-F22	12	G5-M5	G5-P1	2,10E+01	2,10E+01	*
G5-F24	12	G5-M1	G5-P2	2,43E+01	1,67E+01	*
G5-F26	12	G5-M6	G5-P1	1,60E+01	1,60E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G5-F27	12	G5-M1	G5-P1	1,73E+01	1,68E+01	*
G5-F28	11	G5-M2	G5-P2	1,83E+01	1,72E+01	*
G5-F29	11	G5-M4	G5-P2	1,78E+01	1,18E+01	*
G5-F31	11	G5-M5	G5-P1	1,45E+01	1,27E+01	*
G5-F2-2	11	G5-M2	G5-P2	1,91E+01	1,73E+01	*
G5-F3-2	12	G5-M6	G5-P1	1,97E+01	1,90E+01	*
G5-F4-2	11	G5-M1	G5-P1	1,63E+01	1,18E+01	*
G5-F5-2	12	G5-M5	G5-P1	1,75E+01	1,57E+01	*
G5-F7-2	12	G5-M1	G5-P1	2,07E+01	1,87E+01	*
G5-F8-2	11	G5-M2	G5-P2	2,12E+01	2,12E+01	*
G5-F9-2	12	G5-M6	G5-P1	1,60E+01	1,40E+01	*
G5-F10-2	12	G5-M4	G5-P2	1,98E+01	1,17E+01	*
G5-F11-2	12	G5-M5	G5-P1	2,01E+01	2,01E+01	*
G6-F29-2	12	G5-M2	G5-P2	1,61E+01	1,20E+01	*
G5-F17-2	12	G5-M5	G5-P1	2,24E+01	2,24E+01	*
G5-F18-2	11	G5-M2	G5-P2	1,49E+01	9,66E+00	*
G5-F19-2	12	G5-M5	G5-P1	2,15E+01	2,15E+01	*
G5-F20-2	11	G5-M1	G5-P2	1,88E+01	1,39E+01	*
G5-F21-2	11	G5-M3	G5-P2	1,88E+01	1,88E+01	*
G5-F22-2	11	G5-M1	G5-P1	1,91E+01	1,91E+01	*
G5-F23-2	11	G5-M2	G5-P2	1,70E+01	1,70E+01	*
G5-F24-2	12	G5-M5	G5-P1	2,07E+01	2,07E+01	*
G5-F28-2	12	G5-M5	G5-P1	1,90E+01	1,42E+01	*
G5-F30-2	11	G5-M6	G5-P2	1,75E+01	1,21E+01	*
G5-F32-2	11	G5-M1	G5-P1	1,71E+01	1,50E+01	*
G5-F1-3	12	G5-M6	G5-P1	1,98E+01	1,71E+01	*
G5-F3-3	12	G5-M5	G5-P1	2,28E+01	2,12E+01	*
G5-F4-3	12	G5-M2	G5-P2	1,86E+01	1,67E+01	*
G5-F5-3	11	G5-M1	G5-P2	1,66E+01	1,14E+01	*
G5-F9-3	12	G5-M6	G5-P1	1,45E+01	1,29E+01	*
G5-F10-3	12	G5-M5	G5-P1	2,21E+01	2,11E+01	*
G5-F11-3	11	G5-M1	G5-P1	1,61E+01	1,16E+01	*
G5-F13-3	11	G5-M2	G5-P2	1,44E+01	8,65E+00	*
G5-F14-3	12	G5-M4	G5-P2	1,97E+01	1,75E+01	*
G5-F16-3	12	G5-M5	G5-P1	2,28E+01	2,28E+01	*
G5-F18-3	12	G5-M6	G5-P1	1,92E+01	1,92E+01	*
G5-F19-3	11	G5-M2	G5-P1	2,00E+01	2,00E+01	*
G5-F20-3	12	G5-M4	G5-P2	2,19E+01	2,08E+01	*
G5-F21-3	11	G5-M4	G5-P2	2,16E+01	1,86E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G5-F22-3	12	G5-M5	G5-P1	2,37E+01	2,37E+01	*
G5-F24-3	12	G5-M1	G5-P2	2,31E+01	1,85E+01	*
G5-F25-3	10	G5-M2	G5-P2	1,42E+01	6,23E+00	-
G5-F26-3	12	G5-M4	G5-P1	2,24E+01	1,99E+01	*
G5-F27-3	12	G5-M5	G5-P1	1,85E+01	1,80E+01	*
G5-F28-3	12	G5-M6	G5-P1	1,89E+01	1,80E+01	*
G5-F1-4	12	G5-M4	G5-P1	1,88E+01	1,88E+01	*
G5-F2-4	11	G5-M2	G5-P2	1,86E+01	1,27E+01	*
G5-F6-4	10	G5-M2	G5-P2	1,63E+01	7,61E+00	*
G5-F7-4	11	G5-M4	G5-P2	2,31E+01	2,23E+01	*
G5-F9-4	11	G5-M3	G5-P1	1,86E+01	1,81E+01	*
G5-F10-4	10	G5-M1	G5-P2	1,64E+01	1,04E+01	*
G5-F11-4	11	G5-M4	G5-P2	1,45E+01	1,11E+01	*
G5-F13-4	9	G5-M2	G5-P2	1,59E+01	1,10E+01	*
G5-F14-4	11	G5-M3	G5-P2	1,98E+01	1,62E+01	*
G5-F15-4	12	G5-M4	G5-P1	2,14E+01	2,14E+01	*
G5-F16-4	11	G5-M1	G5-P1	1,58E+01	1,58E+01	*
G5-F17-4	12	G5-M2	G5-P1	1,84E+01	1,84E+01	*
G5-F19-4	12	G5-M3	G5-P2	1,63E+01	8,68E+00	*
G5-F21-4	11	G5-M1	G5-P1	1,66E+01	1,66E+01	*
G5-F23-4	11	G5-M1	G5-P1	1,45E+01	1,45E+01	*
G5-F24-4	12	G5-M6	G5-P1	1,79E+01	1,79E+01	*
G5-F28-4	12	G5-M4	G5-P2	2,33E+01	1,92E+01	*
G5-F29-4	10	G5-M2	G5-P2	1,90E+01	1,90E+01	*
G5-F30-4	12	G5-M5	G5-P1	2,39E+01	2,39E+01	*
G5-F1-5	10	G5-M3	G5-P2	1,41E+01	5,96E+00	-
G5-F2-5	11	G5-M1	G5-P2	1,85E+01	4,61E+00	-
G5-F3-5	12	G5-M5	G5-P1	1,98E+01	1,98E+01	*
G5-F4-5	12	G5-M2	G5-P1	2,22E+01	1,78E+01	*
G5-F5-5	11	G5-M6	G5-P2	1,57E+01	1,21E+01	*
G5-F6-5	12	G5-M4	G5-P2	2,22E+01	2,22E+01	*
G5-F7-5	11	G5-M2	G5-P2	1,69E+01	1,11E+01	*
G5-F8-5	10	G5-M3	G5-P1	1,54E+01	1,39E+01	*
G5-F9-5	12	G5-M4	G5-P2	1,92E+01	1,45E+01	*
G5-F10-5	11	G5-M5	G5-P1	1,62E+01	1,62E+01	*
G5-F11-5	11	G5-M1	G5-P2	1,91E+01	1,17E+01	*
G5-F12-5	12	G5-M6	G5-P1	2,02E+01	1,77E+01	*
G6-F1	11	G6-M3	G6-P1	1,85E+01	1,28E+01	*
G6-F4	12	G6-M5	G6-P1	1,94E+01	1,15E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G6-F5	12	G6-M1	G6-P2	2,22E+01	2,22E+01	*
G6-F6	11	G6-M1	G6-P2	2,38E+01	2,38E+01	*
G6-F7	11	G6-M4	G6-P2	1,66E+01	1,38E+01	*
G6-F8	11	G6-M5	G6-P1	1,52E+01	1,08E+01	*
G6-F9	12	G6-M3	G6-P2	2,02E+01	1,66E+01	*
G6-F12	12	G6-M1	G6-P2	2,06E+01	1,65E+01	*
G6-F13	12	G6-M3	G6-P2	2,20E+01	1,58E+01	*
G6-F14	11	G6-M5	G6-P1	1,44E+01	1,12E+01	*
G6-F17	11	G6-M1	G6-P2	1,89E+01	1,59E+01	*
G6-F18	10	G6-M6	G6-P2	1,79E+01	1,79E+01	*
G6-F21	11	G6-M3	G6-P1	1,73E+01	7,53E+00	*
G6-F22	12	G6-M3	G6-P1	2,12E+01	2,12E+01	*
G6-F24	11	G6-M6	G6-P2	1,88E+01	1,23E+01	*
G6-F25	12	G6-M5	G6-P1	1,79E+01	1,79E+01	*
G6-F26	11	G6-M1	G6-P1	1,58E+01	1,58E+01	*
G6-F27	12	G6-M5	G6-P1	1,85E+01	1,85E+01	*
G6-F28	11	G6-M4	G6-P2	1,53E+01	1,53E+01	*
G6-F30	9	G6-M6	G6-P2	1,37E+01	1,07E+01	*
G6-F31	11	G6-M1	G6-P1	1,49E+01	1,49E+01	*
G6-F1-2	10	G6-M6	G6-P2	1,93E+01	1,78E+01	*
G6-F3-2	11	G6-M4	G6-P2	1,80E+01	1,80E+01	*
G6-F4-2	12	G6-M1	G6-P1	1,98E+01	1,76E+01	*
G6-F5-2	11	G6-M3	G6-P1	1,57E+01	9,68E+00	*
G6-F8-2	12	G6-M3	G6-P1	2,27E+01	1,32E+01	*
G6-F9-2	12	G6-M1	G6-P2	2,21E+01	2,21E+01	*
G6-F12-2	11	G6-M5	G6-P2	1,42E+01	1,41E+01	*
G6-F16-2	12	G6-M5	G6-P1	1,93E+01	1,54E+01	*
G6-F20-2	11	G6-M2	G6-P2	1,43E+01	8,34E+00	*
G6-F21-2	12	G6-M1	G6-P2	2,56E+01	2,35E+01	*
G6-F22-2	12	G6-M5	G6-P2	2,11E+01	1,64E+01	*
G6-F24-2	12	G6-M1	G6-P2	1,79E+01	1,79E+01	*
G6-F26-2	11	G6-M3	G6-P2	2,23E+01	1,26E+01	*
G6-F28-2	12	G6-M5	G6-P1	1,74E+01	1,09E+01	*
G6-F30-2	11	G6-M1	G6-P1	1,76E+01	1,21E+01	*
G6-F31-2	12	G6-M5	G6-P2	2,10E+01	1,03E+01	*
G6-F32-2	11	G6-M6	G6-P2	2,27E+01	2,08E+01	*
G6-F33-2	10	G6-M4	G6-P2	1,55E+01	1,32E+01	*
G6-F1-3	12	G6-M5	G6-P2	1,85E+01	1,85E+01	*
G6-F3-3	11	G6-M3	G6-P2	1,73E+01	1,31E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G6-F4-3	11	G6-M1	G6-P1	1,68E+01	1,59E+01	*
G6-F5-3	10	G6-M6	G6-P2	1,68E+01	1,03E+01	*
G6-F7-3	11	G6-M1	G6-P2	1,81E+01	1,72E+01	*
G6-F9-3	12	G6-M6	G6-P2	2,61E+01	2,57E+01	*
G6-F14-3	11	G6-M1	G6-P2	1,96E+01	1,55E+01	*
G6-F15-3	12	G6-M5	G6-P2	2,02E+01	2,02E+01	*
G6-F16-3	11	G6-M4	G6-P2	2,00E+01	1,74E+01	*
G6-F17-3	10	G6-M6	G6-P2	1,66E+01	1,66E+01	*
G6-F18-3	12	G6-M5	G6-P1	1,76E+01	1,76E+01	*
G6-F20-3	12	G6-M1	G6-P2	2,41E+01	2,41E+01	*
G6-F24-3	11	G6-M4	G6-P2	1,49E+01	9,19E+00	*
G6-F25-3	12	G6-M4	G6-P2	2,30E+01	1,61E+01	*
G6-F26-3	12	G6-M5	G6-P2	1,83E+01	1,83E+01	*
G6-F27-3	12	G6-M1	G6-P2	1,82E+01	1,51E+01	*
G6-F1-4	12	G6-M4	G6-P1	1,89E+01	1,32E+01	*
G6-F2-4	11	G6-M3	G6-P2	2,34E+01	1,79E+01	*
G6-F3-4	12	G6-M1	G6-P1	2,08E+01	1,65E+01	*
G6-F5-4	10	G6-M6	G6-P2	1,90E+01	1,68E+01	*
G6-F6-4	12	G6-M5	G6-P1	1,51E+01	1,49E+01	*
G6-F7-4	12	G6-M1	G6-P2	1,99E+01	1,99E+01	*
G6-F8-4	11	G6-M1	G6-P2	2,27E+01	2,27E+01	*
G6-F11-4	10	G6-M6	G6-P2	2,01E+01	1,75E+01	*
G6-F12-4	12	G6-M5	G6-P2	1,61E+01	1,48E+01	*
G6-F13-4	12	G6-M1	G6-P2	2,69E+01	2,69E+01	*
G6-F14-4	11	G6-M5	G6-P1	1,33E+01	7,19E+00	*
G6-F15-4	11	G6-M3	G6-P1	1,86E+01	8,97E+00	*
G6-F17-4	11	G6-M6	G6-P2	2,76E+01	2,76E+01	*
G6-F18-4	11	G6-M4	G6-P2	1,88E+01	1,88E+01	*
G6-F20-4	11	G6-M5	G6-P1	1,54E+01	1,43E+01	*
G6-F21-4	12	G6-M5	G6-P1	1,79E+01	1,79E+01	*
G6-F23-4	12	G6-M1	G6-P2	2,09E+01	2,09E+01	*
G6-F25-4	11	G6-M3	G6-P2	2,19E+01	2,19E+01	*
G6-F26-4	12	G6-M1	G6-P2	2,02E+01	2,02E+01	*
G6-F1-5	11	G6-M4	G6-P1	1,72E+01	1,72E+01	*
G6-F2-5	10	G6-M6	G6-P2	2,11E+01	1,71E+01	*
G6-F4-5	12	G6-M1	G6-P1	1,76E+01	1,52E+01	*
G6-F5-5	12	G6-M1	G6-P1	2,04E+01	1,70E+01	*
G6-F6-5	12	G6-M5	G6-P2	1,85E+01	1,85E+01	*
G6-F7-5	10	G6-M4	G6-P2	1,54E+01	1,32E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progênies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G6-F8-5	11	G6-M3	G6-P1	1,44E+01	1,15E+01	*
G6-F9-5	11	G6-M6	G6-P2	2,11E+01	2,11E+01	*
G6-F10-5	12	G6-M5	G6-P1	1,91E+01	1,91E+01	*
G6-F12-5	11	G6-M1	G6-P1	1,82E+01	1,60E+01	*
G6-F13-5	11	G6-M6	G6-P2	2,31E+01	2,31E+01	*
G6-F14-5	11	G6-M3	G6-P1	2,10E+01	2,02E+01	*
G6-F15-5	12	G6-M4	G6-P1	1,79E+01	1,33E+01	*
G6-F16-5	11	G6-M1	G6-P1	2,06E+01	2,06E+01	*
G6-F18-5	11	G6-M6	G6-P2	2,66E+01	2,66E+01	*
G6-F19-5	10	G6-M6	G6-P2	2,04E+01	2,04E+01	*
G6-F20-5	12	G6-M5	G6-P1	1,68E+01	1,17E+01	*
G6-F21-5	11	G6-M4	G6-P1	1,64E+01	1,12E+01	*
G6-F22-5	11	G6-M1	G6-P1	1,91E+01	1,03E+01	*
G6-F23-5	11	G6-M5	G6-P1	1,54E+01	1,54E+01	*
G6-F24-5	12	G6-M4	G6-P1	1,47E+01	1,47E+01	*
G6-F25-5	10	G6-M6	G6-P2	1,70E+01	1,00E+01	*
G7-F1	11	G7-M4	G7-P1	1,34E+01	1,23E+01	*
G7-F3	12	G7-M2	G7-P1	1,75E+01	1,34E+01	*
G7-F4	11	G7-M3	G7-P2	2,25E+01	1,33E+01	*
G7-F5	12	G7-M6	G7-P2	1,97E+01	1,97E+01	*
G7-F7	11	G7-M6	G7-P2	1,49E+01	1,39E+01	*
G7-F9	11	G7-M5	G7-P2	2,49E+01	2,49E+01	*
G7-F12	11	G7-M5	G7-P1	1,76E+01	1,31E+01	*
G7-F13	12	G7-M4	G7-P1	2,44E+01	2,44E+01	*
G7-F15	12	G7-M3	G7-P2	2,43E+01	1,99E+01	*
G7-F16	12	G7-M4	G7-P1	1,84E+01	1,84E+01	*
G7-F17	12	G7-M5	G7-P1	2,15E+01	2,15E+01	*
G7-F18	12	G7-M6	G7-P2	1,85E+01	1,69E+01	*
G7-F19	12	G7-M3	G7-P1	2,30E+01	1,72E+01	*
G7-F20	12	G7-M6	G7-P2	1,82E+01	1,71E+01	*
G7-F24	12	G7-M2	G7-P1	1,85E+01	1,85E+01	*
G7-F25	12	G7-M3	G7-P1	2,61E+01	2,61E+01	*
G7-F27	10	G7-M4	G7-P1	1,31E+01	1,05E+01	*
G7-F28	12	G7-M5	G7-P2	2,46E+01	1,72E+01	*
G7-F1-2	12	G7-M4	G7-P1	1,82E+01	1,82E+01	*
G7-F2-2	12	G7-M5	G7-P2	2,98E+01	2,90E+01	*
G7-F4-2	12	G7-M2	G7-P2	2,04E+01	1,43E+01	*
G7-F5-2	12	G7-M3	G7-P2	2,55E+01	1,62E+01	*
G7-F6-2	12	G7-M6	G7-P2	2,02E+01	1,77E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G7-F7-2	11	G7-M3	G7-P2	2,14E+01	2,14E+01	*
G7-F11-2	12	G7-M5	G7-P2	2,49E+01	2,49E+01	*
G7-F13-2	12	G7-M2	G7-P2	1,46E+01	4,94E+00	-
G7-F14-2	12	G7-M5	G7-P2	2,72E+01	2,35E+01	*
G7-F15-2	11	G7-M6	G7-P2	1,82E+01	1,82E+01	*
G7-F16-2	12	G7-M2	G7-P2	1,30E+01	4,94E+00	-
G7-F17-2	12	G7-M4	G7-P1	1,86E+01	1,66E+01	*
G7-F18-2	12	G7-M5	G7-P1	1,57E+01	1,57E+01	*
G7-F21-2	12	G7-M2	G7-P2	1,88E+01	1,55E+01	*
G7-F23-2	12	G7-M5	G7-P2	2,61E+01	2,24E+01	*
G7-F25-2	12	G7-M6	G7-P2	1,71E+01	1,71E+01	*
G7-F26-2	12	G7-M5	G7-P1	1,82E+01	1,82E+01	*
G7-F28-2	12	G7-M1	G7-P1	1,61E+01	7,93E+00	*
G7-F29-2	12	G7-M2	G7-P2	1,58E+01	1,58E+01	*
G7-F1-3	11	G7-M4	G7-P1	1,58E+01	1,55E+01	*
G7-F2-3	12	G7-M2	G7-P2	2,04E+01	1,66E+01	*
G7-F3-3	11	G7-M3	G7-P2	2,05E+01	1,20E+01	*
G7-F4-3	12	G7-M5	G7-P2	1,93E+01	1,58E+01	*
G7-F6-3	12	G7-M4	G7-P2	2,31E+01	2,31E+01	*
G7-F8-3	11	G7-M3	G7-P2	2,21E+01	1,90E+01	*
G7-F9-3	12	G7-M3	G7-P2	2,56E+01	2,56E+01	*
G7-F10-3	12	G7-M2	G7-P2	1,96E+01	1,83E+01	*
G7-F11-3	12	G7-M5	G7-P2	2,42E+01	2,19E+01	*
G7-F12-3	12	G7-M4	G7-P1	1,75E+01	1,42E+01	*
G7-F13-3	12	G7-M2	G7-P2	2,25E+01	1,53E+01	*
G7-F14-3	11	G7-M4	G7-P1	1,54E+01	2,98E+00	-
G7-F15-3	12	G7-M6	G7-P2	2,09E+01	2,09E+01	*
G7-F16-3	11	G7-M3	G7-P2	2,38E+01	1,89E+01	*
G7-F17-3	11	G7-M4	G7-P1	1,50E+01	1,48E+01	*
G7-F18-3	12	G7-M5	G7-P2	2,61E+01	2,34E+01	*
G7-F20-3	12	G7-M5	G7-P2	2,45E+01	2,27E+01	*
G7-F21-3	11	G7-M4	G7-P1	1,93E+01	1,54E+01	*
G7-F22-3	11	G7-M3	G7-P1	2,38E+01	1,77E+01	*
G7-F23-3	11	G7-M6	G7-P2	1,98E+01	1,98E+01	*
G7-F2-4	11	G7-M6	G7-P2	1,68E+01	1,68E+01	*
G7-F3-4	12	G7-M2	G7-P2	1,75E+01	9,42E+00	*
G7-F4-4	12	G7-M4	G7-P2	1,81E+01	1,48E+01	*
G7-F5-4	10	G7-M3	G7-P2	1,42E+01	3,85E+00	-
G7-F6-4	12	G7-M2	G7-P2	1,72E+01	1,66E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G7-F7-4	12	G7-M4	G7-P2	2,23E+01	2,23E+01	*
G7-F9-4	12	G7-M5	G7-P2	2,34E+01	2,34E+01	*
G7-F10-4	12	G7-M6	G7-P2	1,77E+01	1,64E+01	*
G7-F11-4	11	G7-M3	G7-P2	2,50E+01	2,31E+01	*
G7-F12-4	12	G7-M4	G7-P2	1,93E+01	1,93E+01	*
G7-F14-4	12	G7-M6	G7-P2	1,78E+01	1,78E+01	*
G7-F15-4	12	G7-M2	G7-P2	1,89E+01	1,45E+01	*
G7-F17-4	12	G7-M2	G7-P2	2,02E+01	1,62E+01	*
G7-F18-4	12	G7-M3	G7-P2	2,46E+01	2,45E+01	*
G7-F19-4	12	G7-M5	G7-P2	2,27E+01	2,27E+01	*
G7-F20-4	12	G7-M4	G7-P2	2,33E+01	2,00E+01	*
G7-F21-4	12	G7-M6	G7-P2	1,83E+01	1,55E+01	*
G7-F22-4	12	G7-M2	G7-P1	1,60E+01	1,51E+01	*
G7-F23-4	11	G7-M6	G7-P2	1,97E+01	1,15E+01	*
G7-F24-4	12	G7-M4	G7-P1	1,90E+01	1,90E+01	*
G7-F26-4	12	G7-M5	G7-P2	2,28E+01	2,12E+01	*
G7-F29-4	12	G7-M6	G7-P2	1,94E+01	1,94E+01	*
G7-F30-4	12	G7-M5	G7-P2	2,22E+01	2,22E+01	*
G7-F3-5	12	G7-M6	G7-P2	1,89E+01	1,68E+01	*
G7-F4-5	10	G7-M3	G7-P2	1,79E+01	5,84E+00	-
G7-F6-5	11	G7-M3	G7-P2	2,20E+01	1,48E+01	*
G7-F7-5	12	G7-M6	G7-P2	2,00E+01	2,00E+01	*
G7-F8-5	12	G7-M2	G7-P2	1,58E+01	1,48E+01	*
G7-F9-5	11	G7-M3	G7-P2	2,50E+01	2,02E+01	*
G7-F10-5	12	G7-M2	G7-P1	1,69E+01	1,55E+01	*
G7-F11-5	12	G7-M6	G7-P2	2,00E+01	1,63E+01	*
G7-F12-5	12	G7-M2	G7-P1	2,06E+01	1,51E+01	*
G7-F15-5	11	G7-M3	G7-P2	2,11E+01	1,04E+01	*
G7-F16-5	11	G7-M3	G7-P2	1,89E+01	1,19E+01	*
G7-F18-5	11	G7-M6	G7-P2	1,86E+01	1,86E+01	*
G7-F19-5	12	G7-M2	G7-P1	2,11E+01	1,27E+01	*
G7-F20-5	12	G7-M2	G7-P2	1,68E+01	1,68E+01	*
G7-F21-5	12	G7-M3	G7-P1	1,96E+01	1,51E+01	*
G7-F22-5	12	G7-M6	G7-P2	1,93E+01	1,86E+01	*
G8-F2	12	G8-M3	G8-P2	1,97E+01	1,79E+01	*
G8-F3	11	G8-M5	G8-P1	1,80E+01	1,80E+01	*
G8-F4	12	G8-M6	G8-P1	1,69E+01	1,32E+01	*
G8-F5	12	G8-M1	G8-P2	1,62E+01	9,23E+00	*
G8-F7	12	G8-M5	G8-P1	1,68E+01	1,68E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G8-F8	12	G8-M6	G8-P1	1,68E+01	1,46E+01	*
G8-F9	11	G8-M1	G8-P1	1,89E+01	1,48E+01	*
G8-F11	12	G8-M3	G8-P2	1,68E+01	9,80E+00	*
G8-F13	12	G8-M1	G8-P1	1,75E+01	1,42E+01	*
G8-F14	12	G8-M3	G8-P1	1,70E+01	1,43E+01	*
G8-F15	12	G8-M6	G8-P1	1,82E+01	1,54E+01	*
G8-F16	12	G8-M5	G8-P1	2,28E+01	2,28E+01	*
G8-F18	12	G8-M6	G8-P1	1,62E+01	1,49E+01	*
G8-F19	12	G8-M1	G8-P2	1,54E+01	1,15E+01	*
G8-F20	12	G8-M5	G8-P1	2,21E+01	2,21E+01	*
G8-F22	12	G8-M3	G8-P2	1,70E+01	1,00E+01	*
G8-F24	12	G8-M1	G8-P1	1,53E+01	1,01E+01	*
G8-F25	12	G8-M3	G8-P1	1,72E+01	1,21E+01	*
G8-F27	12	G8-M6	G8-P2	1,89E+01	1,84E+01	*
G8-F29	12	G8-M6	G8-P1	2,01E+01	2,01E+01	*
G8-F31	12	G8-M3	G8-P1	2,28E+01	2,05E+01	*
G8-F1-2	12	G8-M5	G8-P1	2,12E+01	2,12E+01	*
G8-F2-2	12	G8-M2	G8-P2	2,65E+01	2,09E+01	*
G8-F4-2	12	G8-M4	G8-P2	2,15E+01	2,11E+01	*
G8-F5-2	12	G8-M4	G8-P2	2,04E+01	1,77E+01	*
G8-F6-2	12	G8-M6	G8-P2	1,56E+01	1,56E+01	*
G8-F9-2	9	G8-M3	G8-P1	1,13E+01	5,41E+00	-
G8-F10-2	11	G8-M3	G8-P1	1,99E+01	1,91E+01	*
G8-F11-2	11	G8-M2	G8-P2	2,16E+01	1,55E+01	*
G8-F12-2	12	G8-M4	G8-P2	2,29E+01	2,29E+01	*
G8-F13-2	12	G8-M5	G8-P1	2,00E+01	1,57E+01	*
G8-F14-2	12	G8-M5	G8-P2	2,45E+01	2,08E+01	*
G8-F15-2	12	G8-M2	G8-P2	2,27E+01	1,92E+01	*
G8-F16-2	11	G8-M6	G8-P1	1,58E+01	1,53E+01	*
G8-F17-2	12	G8-M3	G8-P2	1,64E+01	1,64E+01	*
G8-F20-2	12	G8-M5	G8-P2	1,97E+01	1,97E+01	*
G8-F21-2	11	G8-M2	G8-P2	2,30E+01	1,44E+01	*
G8-F22-2	12	G8-M2	G8-P1	1,87E+01	1,36E+01	*
G8-F23-2	11	G8-M4	G8-P1	1,97E+01	1,60E+01	*
G8-F24-2	12	G8-M6	G8-P2	1,74E+01	1,43E+01	*
G8-F25-2	12	G8-M3	G8-P2	1,88E+01	1,88E+01	*
G8-F26-2	12	G8-M5	G8-P2	2,63E+01	2,63E+01	*
G8-F1-3	11	G8-M3	G8-P1	1,90E+01	1,53E+01	*
G8-F2-3	12	G8-M2	G8-P2	2,52E+01	2,08E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progenies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G8-F5-3	12	G8-M2	G8-P2	2,32E+01	1,05E+01	*
G8-F6-3	12	G8-M3	G8-P1	1,83E+01	1,73E+01	*
G8-F8-3	12	G8-M4	G8-P1	2,21E+01	2,02E+01	*
G8-F9-3	12	G8-M3	G8-P1	1,90E+01	1,77E+01	*
G8-F11-3	12	G8-M2	G8-P2	2,55E+01	2,55E+01	*
G8-F12-3	12	G8-M5	G8-P1	2,24E+01	2,19E+01	*
G8-F13-3	12	G8-M6	G8-P1	1,94E+01	1,88E+01	*
G8-F14-3	12	G8-M5	G8-P1	2,29E+01	1,85E+01	*
G8-F16-3	9	G8-M3	G8-P1	1,45E+01	1,08E+01	*
G8-F17-3	11	G8-M4	G8-P1	1,84E+01	1,56E+01	*
G8-F18-3	12	G8-M6	G8-P2	1,71E+01	1,10E+01	*
G8-F19-3	12	G8-M2	G8-P2	2,29E+01	2,25E+01	*
G8-F20-3	12	G8-M5	G8-P1	2,34E+01	2,34E+01	*
G8-F21-3	10	G8-M4	G8-P1	1,80E+01	1,80E+01	*
G8-F22-3	12	G8-M5	G8-P1	1,97E+01	1,97E+01	*
G8-F23-3	11	G8-M4	G8-P1	1,50E+01	6,08E+00	-
G8-F1-4	12	G8-M5	G8-P1	2,40E+01	2,40E+01	*
G8-F2-4	8	G8-M3	G8-P1	1,04E+01	3,42E+00	-
G8-F4-4	11	G8-M4	G8-P2	2,00E+01	1,34E+01	*
G8-F5-4	12	G8-M4	G8-P2	1,94E+01	1,81E+01	*
G8-F6-4	12	G8-M5	G8-P1	2,16E+01	1,92E+01	*
G8-F7-4	12	G8-M3	G8-P1	1,70E+01	1,35E+01	*
G8-F9-4	10	G8-M3	G8-P1	1,54E+01	1,54E+01	*
G8-F10-4	12	G8-M4	G8-P2	1,62E+01	1,28E+01	*
G8-F11-4	12	G8-M5	G8-P1	2,25E+01	2,04E+01	*
G8-F13-4	12	G8-M4	G8-P2	1,89E+01	1,14E+01	*
G8-F15-4	12	G8-M3	G8-P1	2,08E+01	1,89E+01	*
G8-F16-4	11	G8-M5	G8-P1	1,29E+01	8,99E+00	*
G8-F17-4	11	G8-M5	G8-P1	1,71E+01	1,44E+01	*
G8-F19-4	11	G8-M3	G8-P1	1,48E+01	1,21E+01	*
G8-F20-4	11	G8-M4	G8-P2	1,61E+01	1,60E+01	*
G8-F21-4	11	G8-M3	G8-P1	2,01E+01	1,75E+01	*
G8-F22-4	12	G8-M5	G8-P1	1,85E+01	1,83E+01	*
G8-F23-4	12	G1-M5	G8-P2	1,03E+01	0,00E+00	excluído
G8-F24-4	12	G8-M2	G8-P2	2,19E+01	1,49E+01	*
G8-F3-5	11	G8-M6	G8-P1	1,46E+01	1,46E+01	*
G8-F4-5	12	G8-M3	G8-P1	1,84E+01	1,68E+01	*
G8-F5-5	12	G8-M5	G8-P1	1,78E+01	1,78E+01	*
G8-F7-5	9	G8-M4	G8-P1	1,55E+01	1,53E+01	*

Continua...

Apêndice 1. Continuação

Progênies	Locos	Candidata mãe	Candidato pai	Trio LOD score	Trio Delta	Nível de Confiança
G8-F9-5	12	G8-M6	G8-P1	1,44E+01	1,06E+01	*
G8-F10-5	12	G8-M5	G8-P1	2,32E+01	1,58E+01	*
G8-F12-5	12	G8-M2	G8-P1	2,53E+01	1,04E+01	*
G8-F15-5	12	G8-M3	G8-P1	1,82E+01	6,70E+00	+
G8-F17-5	12	G8-M5	G8-P1	2,40E+01	1,55E+01	*
G8-F18-5	12	G8-M6	G8-P1	1,68E+01	1,51E+01	*
G8-F19-5	12	G8-M3	G8-P1	1,77E+01	1,21E+01	*
G8-F20-5	12	G8-M2	G8-P1	2,02E+01	2,02E+01	*
G8-F21-5	12	G8-M6	G8-P1	1,76E+01	1,05E+01	*
G8-F22-5	9	G8-M5	G8-P1	1,35E+01	5,38E+00	-
G8-F23-5	12	G8-M3	G8-P1	2,05E+01	1,50E+01	*
G8-F27-5	12	G8-M3	G8-P1	1,96E+01	1,71E+01	*
G8-F28-5	12	G8-M5	G8-P1	2,13E+01	2,08E+01	*