

UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO JEQUITINHONHA E MUCURI

Curso de Pós Graduação em Zootecnia

Gabriela Queiroz de Faria

**SENSIBILIDADE DE VALORES GENÉTICOS A DIFERENTES NÍVEIS DAS
RELAÇÕES TREONINA E LISINA EM DIETAS DE CODORNAS DE CORTE**

**DIAMANTINA - MG
2015**

Gabriela Queiroz de Faria

**SENSIBILIDADE DE VALORES GENÉTICOS A DIFERENTES NÍVEIS DAS
RELAÇÕES TREONINA E LISINA EM DIETAS DE CODORNAS DE CORTE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientadora: Prof.^a Cristina Moreira Bonafé

**DIAMANTINA - MG
2015**

Ficha Catalográfica – Serviço de Bibliotecas/UFVJM
Bibliotecário Anderson César de Oliveira Silva, CRB6 – 2618.

F224s	Faria, Gabriela Queiroz de Sensibilidade de valores genéticos a diferentes níveis das relações treonina e lisina em dietas de codornas de corte / Gabriela Queiroz de Faria. – Diamantina: UFVJM, 2015. 92 p. : il. Orientador: Cristina Moreira Bonafé Coorientador: Héder José D'Ávila Lima Dissertação (Mestrado – Curso de Pós-Graduação em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. 1. Coturnix coturnix. 2. Avaliação genética. 3. Regressão aleatória. I. Título. II. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. CDD 636.594
-------	---

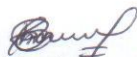
Elaborado com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

GABRIELA QUEIROZ DE FARIA

**SENSIBILIDADE DE VALORES GENÉTICOS A DIFERENTES NÍVEIS DAS
RELAÇÕES TREONINA E LISINA EM DIETAS DE CODORNAS DE CORTE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal dos
Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como parte das
exigências do Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, para obtenção do título de *Magister
Scientiae*.

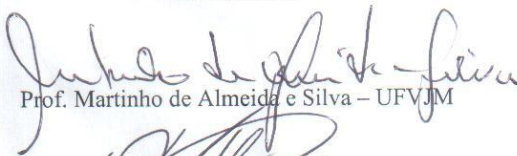
APROVADA em 31/08/2015



Prof.ª Cristina Moreira Bonafé – UFVJM
Orientadora



Prof. Heder José D'Ávila Lima – UFMT
Coorientador



Prof. Martinho de Almeida e Silva – UFVJM



Prof. Aldrin Vieira Pires – UFVJM

DIAMANTINA – MG
2015

DEDICATÓRIA

Aos meus pais Gabriel e Agripina, pelos esforços destinados à minha educação, pelo apoio e cumplicidade.

AGRADECIMENTO

À Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, pelas oportunidades e formação.

À FAPEMIG, pela concessão da bolsa de estudo.

À Ajinomoto pela doação dos aminoácidos.

À minha orientadora Cristina pelas correções, sugestões apresentadas e por toda dedicação.

Ao professor Aldrin pelos ensinamentos.

À Karine e ao professor Martinho pela cooperação.

Ao meu amigo e coorientador Héder, obrigada pelas palavras amigas que sempre me confortam e pela motivação.

Ao amigo Leo, que esteve comigo me ajudando em todos os momentos, pelo imenso apoio.

À todos que participaram do experimento em especial ao grupo de Melhoramento Animal.

A Flaviana, Fabiana e Gabriela pelo auxílio no dia do nascimento dos animais.

Ao Jefferson por tornar meus dias mais felizes!

Agradeço aos meus amados pais Gabriel e Agripina por todo incentivo e dedicação.

À minha querida irmã Letícia e ao meu cunhado Rafael pelos conselhos, amizade e parceria.

Agradeço à Deus por me dar forças e ser meu amparo.

Meu eterno agradecimento!

“De nada vale o nosso conhecimento se não soubermos expressá-lo ao mundo”

(Autor: Desconhecido)

BIOGRAFIA

Gabriela Queiroz de Faria, filha de Gabriel José de Faria e Agripina Angela de Queiroz Faria, nasceu em 01 de Fevereiro de 1988, na cidade de Belo Horizonte - MG.

Em Abril de 2013, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri - UFVJM.

Em Maio de 2013, iniciou o curso de mestrado em Zootecnia, na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, na área de Produção Animal, linha de pesquisa de Melhoramento Animal, submetendo-se à defesa de dissertação em 31 de Agosto de 2015.

RESUMO

FARIA, Gabriela Queiroz. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Julho de 2015. p.93. **Sensibilidade de valores genéticos a diferentes níveis das relações treonina e lisina em dietas de codornas de corte.** Orientadora: Cristina Moreira Bonafé. Coorientador: Héder José D'Ávila Lima. Dissertação (Mestrado em Zootecnia).

O presente trabalho foi realizado com objetivo de avaliar a sensibilidade dos valores genéticos de pesos corporais e características de carcaças de codornas de corte às mudanças do gradiente ambiental (relação treonina: lisina das dietas) usando modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual. Foram utilizadas duas linhagens (LF1 e LF2), do Programa de Melhoramento Genético da UFVJM. As aves foram alimentadas com dietas contendo cinco relações treonina: lisina em duas fases do período de crescimento, sendo a primeira de 1 a 21 dias de idade e a segunda de 22 a 35 dias de idade. Foram mensurados o desenvolvimento ponderal e as características de carcaça. As sensibilidades dos valores genéticos às mudanças dos níveis da relação treonina: lisina (interação genótipo x ambiente) foram obtidas por Modelos de Regressão Aleatória (Norma de Reação) por meio do programa WOMBAT que utiliza o princípio da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). O modelo que considerou a heterogeneidade de variância para duas classes de variância residual da relação treonina: lisina foi o mais indicado para a maioria das análises realizadas. Normas de Reação indicaram que as codornas alimentadas com diferentes níveis da relação treonina: lisina, dos 22 aos 35 dias de idade, são mais sensíveis que na fase inicial de criação (1 a 21 dias). Verificou-se interação genótipo x ambiente para as duas fases de criação e nas duas linhagens estudadas. Isto implica que codornas selecionadas em nível alto de treonina podem não expressar todo seu potencial genético quando criadas em nível de treonina menor. Esse comportamento indica sensibilidades dos valores genéticos aditivos à mudança ambiental, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente. As estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações foram influenciadas pela alteração nos níveis da relação treonina: lisina da dieta. Avaliações genéticas para codornas de corte alimentadas com dieta contendo diferentes níveis da relação treonina: lisina não permitem a predição de valores genéticos válidos para todos os níveis de treonina. A avaliação deverá ser feita utilizando o mesmo nível da relação treonina: lisina da dieta utilizado no sistema de produção de codornas de corte.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix*. Avaliação genética. Regressão aleatória.

ABSTRACT

FARIA, Gabriela Queiroz. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, August 2015. p. 93. **Sensitivity of breeding values to different levels of threonine: lysine ratios in diets of european quails.** Adviser: Cristina Moreira Bonafé. Co-adviser: Héder José D'Ávila Lima. Dissertation (Master's degree in Animal Science).

This study was undertaken to evaluate the sensitivity of breeding values of body weights and carcass traits of European quails to changes in the environmental gradient (threonine :lysine ratio of diets) using random regression models with different residual variance structures. Two lines (LF1 and LF2) of the quail breeding improvement program of *Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri* were used in the experiments. Quails were fed diets with five threonine: lysine ratios in two phases of the growth period, the first phase from hatch to 21 days of age and the second one from 22 to 35 days of age. Performance and carcass traits were measured. The sensitivity of breeding values to changes in threonine: lysine ratios (genotype x environment interaction) were obtained by random regression models (reaction norm model) using the WOMBAT program using the Restricted Maximum Likelihood principle. Model considering two classes of residual variance showed the best goodness of fit. The results suggested that quails fed different threonine: lysine ratios were more sensible from 22 to 35 days of age than quail of the initial phase of the growth period (from hatch to 21 days of age). Genotype x environmental interaction was observed in both phases of the growth period and in both lines. This means that quails selected in high level of threonine: lysine ratio will not express all the genetic potential when fed different threonine: lysine ratio diet. This behavior indicates sensitivity of breeding values to changes in the environmental gradient characterizing the genotype by environmental interaction. The genetic variances, heritability and genetic correlations were affected by changes in the levels of threonine: lysine ratios of diets. Genetic evaluations for European quails fed diets with different threonine: lysine ratios will not result in valid prediction of breeding values for all levels of threonine: lysine ratios. The genetic evaluation should be performed using the same level of threonine: lysine in diets the quails will be fed in the production system.

Key words: *Coturnix coturnix*. Genetic evaluation. Random regression.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	11
2. REVISÃO DE LITERATURA	13
2.1 Interação Genótipo X Ambiente	13
2.2 Proteína ideal	14
2.3 Qualidade da carne em codornas	16
2.4 Regressão Aleatória	17
2.5 Normas de Reação	18
2.6 Homogeneidade e Heterogeneidade de variância residual	19
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	21
CAPÍTULO 1	27
ESTIMAÇÃO DE VALORES GENÉTICOS DOS PESOS CORPORAIS E CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇAS DE CODORNAS EUROPEIAS EM FUNÇÃO DOS NÍVEIS DA RELAÇÃO TREONINA E LISINA DAS DIETAS: NASCIMENTO AOS VINTE E UM DIAS DE IDADE	27
RESUMO	27
ABSTRACT	28
INTRODUÇÃO	29
MATERIAL E MÉTODOS	31
RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
CONCLUSÃO	57
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	58
CAPÍTULO 2	61
ESTIMAÇÃO DE VALORES GENÉTICOS DE PESOS CORPORAIS E CARACTERÍSTICAS DE CAECAÇA DE CODORNAS DE CORTE EM FUNÇÃO DE NÍVEIS DA RELAÇÃO TREONINA: LISINA NA DIETA: VINTE E DOIS A TRINTA E CINCO DIAS DE IDADE	61
RESUMO	61
ABSTRACT	62
INTRODUÇÃO	63
RESULTADOS E DISCUSSÃO	72
CONCLUSÃO	88
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	89

1. INTRODUÇÃO GERAL

A Coturnicultura é um ramo da avicultura que vem se destacando nos últimos anos. Essa atividade trata da criação de codornas que são utilizadas tanto para produção de ovos quanto para produção de carne. É uma atividade com grande potencial produtivo em razão de seus produtos serem de excelente aceitação pelos consumidores (Santos et al., 2005).

A carne de codorna é reconhecida por possuir pouca gordura, ser macia e de fácil aceitação por parte da população, sendo considerada carne benéfica à saúde. Em regiões carentes como é predominante no Vale do Jequitinhonha e em diversas outras regiões do país, a adoção dessa atividade pode diversificar a renda familiar e melhorar a qualidade de vida da população, principalmente por se tratar de produto rico em proteína.

Em razão da escassez de estudos envolvendo a criação de codornas criadas em diferentes ambientes nutricionais, observa-se a necessidade de pesquisas relacionadas à nutrição e melhoramento genético de codornas, com base no conceito de proteína ideal, para o estabelecimento da atividade econômica no país. Segundo Santos et al., (2008), os programas de seleção devem ser conduzidos para um nível específico de proteína na dieta, para a maximização do potencial genético das codornas de corte.

Em dietas para aves à base de milho e farelo de soja, a treonina é o terceiro aminoácido limitante, precedido dos aminoácidos sulfurosos e da lisina segundo López et al. (2001). A treonina torna-se mais importante com o avanço da idade das aves, pois a proporção da exigência de treonina para manutenção é alta (Fraiha, 2002).

O Brasil apresenta alta diversidade ambiental e variadas formas de produção animal, com isso, o estudo da Interação Genótipo x Ambiente (IGA) é de grande importância. De acordo com Mascioli et al. (2006), a Interação Genótipo x Ambiente existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual são comparados e, ou, quando um genótipo é superior em um ambiente em detrimento de outro (Falconer & Mackay, 1996). Segundo Euclides Filho (1999), a não linearidade da resposta de alguns genótipos às mudanças de ambiente resultam na existência de fenótipos diferentes como produtos desta interação.

As normas de reação descrevem o fenótipo expresso por um genótipo que ocorre em função de uma variável ambiental. Segundo De Jong (1995), as normas de reação são úteis quando os fenótipos mudam de forma gradual e continuamente sob um gradiente ambiental. A

sensibilidade do mesmo genótipo em meios distintos pode ser quantificada pela regressão do genótipo em cada local, em relação ao gradiente de ambiente. O desempenho do genótipo é, então, regredido em relação à média do desempenho populacional em cada ambiente.

Por meio das funções de covariância é possível determinar a norma de reação dos animais e as variações gradativas no ambiente de produção, que podem ser obtidas pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio de desempenho observado em cada ambiente (De Jong, 1995; Falconer & Mackay, 1996). Assim, é possível identificar os genótipos de desempenho superior em cada extrato ambiental e generalizar esse desempenho para um número infinito de ambientes, além de remover o limite de número de registros e permitir considerar a heterogeneidade de variâncias (Meyer, 2003). A vantagem da norma de reação que é a resposta da seleção pode ser predita não somente na expressão fenotípica em todo o ambiente, mas também na sensibilidade ambiental da característica (robustez ou plasticidade) às mudanças no ambiente (De Jong & Bijma, 2002).

Quando ignorada, a heterogeneidade de variâncias genética e, ou residual pode ocasionar a redução da precisão dos valores genéticos preditos e, conseqüentemente, a redução da resposta à seleção (Garrick & Van Vleck, 1987).

Vários trabalhos têm mostrado a necessidade de considerar heterogeneidade de variâncias residuais em modelos de regressão aleatória (Carvalho et al., 2002; Carneiro et al., 2006; Carneiro et al., 2008; Herrera et al., 2008, Sarmiento et al., 2010, Araújo et al., 2011; Bonafé et al., 2011; Gonçalves et al., 2012). Dessa forma, a modelagem, ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. Por outro lado, o emprego de variâncias residuais heterogêneas implica no aumento do número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança, o que pode dificultar a utilização dos modelos de regressão aleatória em avaliações genéticas em grandes volumes de dados. Neste sentido, busca-se a utilização de modelos mais parcimoniosos, sem perda da qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios considerados (Meyer, 1999 e 2001; Albuquerque & Meyer, 2001).

Objetivou-se no presente estudo avaliar a sensibilidade dos valores genéticos de pesos corporais e características de carcaças às mudanças nas relações treonina: lisina das dietas de codornas de corte, do nascimento aos 21 dias e dos 22 aos 35 dias de idade, usando modelos de regressão aleatória com diferentes classes de variâncias residuais.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Interação Genótipo X Ambiente

Por ser um país de grande extensão territorial e consequentemente possuir regiões com marcadas diferenças climáticas, o Brasil apresenta um panorama bastante diversificado quanto ao ambiente de criação dos animais.

A presença de Interação Genótipo x Ambiente (IGA) se caracteriza por uma resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, o que pode ocasionar alteração nos ordenamentos de desempenhos dos genótipos nos diferentes ambientes (Falconer & Mackay, 1996).

O fenótipo dos indivíduos é o resultado de seu genótipo, manifestado segundo o ambiente em que este indivíduo está exposto. Tanto o genótipo quanto o ambiente, são importantes na expressão da maioria das características econômicas em animais de interesse zootécnico. Uma questão básica no melhoramento animal é se a seleção de indivíduos em determinado ambiente é válida para se atingir o máximo progresso genético em outro tipo de ambiente (Correa et al., 2009).

O ambiente não pode modificar a constituição genética de determinado indivíduo, mas sim, a expressão do genótipo. Por isso, o melhor genótipo em determinado ambiente pode não ser em outro (Warwick & Legates, 1980).

A Interação Genótipo x Ambiente, inicialmente, era estudada por meio da metodologia da correlação genética. Atualmente, outras metodologias para o estudo da IGA estão sendo utilizadas, tais como a norma de reação (Kolmodin & Bijma, 2004).

A IGA pode provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais, por consequência, podem resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (Alencar et al., 2005).

Condições ambientais superiores, como melhor dieta, permitem avaliar de maneira mais eficaz e uniforme a capacidade de resposta dos animais, pois, neste caso, as diferenças genéticas observadas entre eles permitirão a obtenção de estimativas mais seguras dos valores genéticos, pela minimização das influências de origem ambiental (Pereira, 2008).

Para a avaliação da interação genótipo x ambiente, Falconer (1952) considerou a característica a ser avaliada em diferentes ambientes como sendo diferentes características, e estimou a correlação genética entre as mesmas. De acordo com Robertson (1959), quando a

correlação genética entre a característica medida em dois ambientes for maior ou igual a 0,8, considera-se que não há interação genótipo X ambiente, caso contrário, é evidente a presença da interação.

É importante o estabelecimento de programas de avaliações genéticas que busquem identificar animais superiores e ajustados ao ambiente no qual estão sendo criados.

2.2 Proteína ideal

O conceito de proteína ideal, proposto para o uso na nutrição animal, estabelece que todos os aminoácidos essenciais (indispensáveis), sejam expressos como proporções ideais ou percentagens de um aminoácido-referência. Atualmente, utiliza-se a lisina como o aminoácido referência (ARC, 1981; Parsons e Baker, 1994; Cuarón, 2000). A utilização da proteína ideal objetiva atender às exigências de proteínas e aminoácidos, proporcionando o desempenho ideal das aves, consequentemente, com impacto reduzido ao meio ambiente, em razão da quantidade de nitrogênio excretado pelas aves ser minimizada (Van Heugten e Van Kempem, 1999).

Uma nutrição de qualidade é o primeiro passo para melhorar o crescimento e o rendimento de carne, além de diminuir os impactos negativos do excesso de excreção de nitrogênio no ambiente. Uma maneira recomendada para reduzir a excreção e emissão é diminuir o nível de proteína bruta da dieta por meio da suplementação aminoacídica (Kim et al., 2006).

Estudos apontam que, para ser ideal, uma proteína ou combinação de proteínas de uma dieta deve apresentar todos os 20 aminoácidos em níveis exatamente requeridos para atender às exigências de manutenção e máxima deposição de proteína corporal, sem excesso ou déficit de aminoácidos. Portanto, o conceito de proteína ideal estabelece que cada aminoácido é igualmente limitante (Van Heugten e Van Kempem, 1999).

A disponibilidade econômica dos aminoácidos industriais (lisina, metionina, treonina e triptofano) para aves e suínos, assim como a melhor avaliação dos ingredientes e dos requerimentos nutricionais, permitem aos nutricionistas formularem dietas com níveis de proteínas menores. Por ser a proteína o nutriente mais caro da dieta, após a energia, a redução proteica é uma das vias de possível melhoria dos custos de produção (Moura et al., 2004).

Para obter maior precisão na formulação e no balanceamento das dietas e torná-las menos onerosas, é importante que se conheça a composição nutricional dos alimentos que os animais irão consumir, bem como suas limitações. Todavia, a maior parte dos aminoácidos

ingeridos pelos animais está na forma de proteínas, que, ao serem digeridas, resultam em pequenos peptídeos e aminoácidos livres passíveis de serem absorvidos (Castro et al., 2000).

Em virtude da disponibilidade comercial de aminoácidos sintéticos a preços compatíveis, atualmente há crescente prática de se adicionar estes aminoácidos nas dietas, permitindo formulações de mínimo custo, com teores de proteína bruta menores que os recomendados nas tabelas de exigências nutricionais, porém, atendendo as exigências em aminoácidos essenciais (Depoeti et al., 2007).

Nesta perspectiva, os aminoácidos exercem importantes funções, como componente das proteínas, que são essenciais para manutenção e produção e apresentam papel fundamental em vários processos metabólicos.

2.2.1 Treonina

A treonina, aminoácido essencial para aves, é encontrada em altas concentrações no coração, nos músculos, no esqueleto e sistema nervoso central. É essencial para formação das proteínas e a manutenção do *turnover* proteico corporal, além disso, auxilia na formação do colágeno e elastina e atua na produção de anticorpos. Em dietas à base de grãos, a treonina é encontrada em quantidade insuficiente, recomendando-se, assim, o fornecimento do aminoácido sintético (Sá et al., 2007).

A L-treonina pura é 100% digestível e está disponível comercialmente, oferecendo maior flexibilidade na formulação de dietas. Sua suplementação permite menor inclusão de alimentos proteicos, acarretando menor excreção de nitrogênio e poluição ambiental (Umigi et al., 2007).

A treonina é o terceiro aminoácido limitante para aves, precedido da metionina e lisina, sendo o mais importante, sobretudo, nas fases mais avançadas do desenvolvimento da ave, porque a proporção de exigência de treonina para manutenção é alta em relação aos demais aminoácidos em razão de seu grande conteúdo nas secreções intestinais endógenas (Fernandez et al., 1994). Segundo Corzo et al. (2007), mais da metade da treonina ingerida é utilizada nos intestinos para as funções de manutenção, sendo primariamente utilizada na síntese de mucina.

Ton et al. (2011), ao avaliarem diferentes níveis de treonina na dieta de codornas de corte em fase de crescimento no período de 15 a 35 dias de idade, relataram que 1,28% de treonina na dieta foram suficientes para atender as exigências das aves.

Lima et al.(2012), ao avaliarem diferentes níveis de treonina na dieta de codornas japonesas na fase de 1 a 40 dias, relataram que o nível de 0,63 % da relação treonina digestível e lisina digestível (6,6 g de treonina/kg e 10,5 g de lisina/kg) proporcionaram desenvolvimento adequado e desempenho satisfatório na fase inicial de postura.

2.3 Qualidade da carne em codornas

O constante crescimento populacional vem estimulando a exploração de outras aves além das convencionais, como novas fontes nutricionais. O mercado consumidor exige cada vez mais carne saudável, saborosa e de custo acessível e isso justifica o crescimento da produção de carne de codornas (Winter et al., 2006).

No Brasil, as codornas foram inicialmente utilizadas para produção de ovos, de modo que a produção de carne foi, durante longo tempo, uma atividade secundária, caracterizada pelo abate de machos não utilizados na reprodução e de fêmeas de descarte, após o ciclo produtivo. Contudo, com a introdução de uma nova variedade europeia que atende os requisitos necessários à produção de carne, a exploração de codornas de corte começou a ser difundida. A superioridade da linhagem europeia como produtora de carne (peso 70% maior que a linhagem japonesa na idade adulta) foi constatada por (Almeida et al., 2002). Sua exploração vem crescendo no Brasil de forma considerável. Este sucesso se justifica pela qualidade da carne, que apresenta características sensoriais de grande aceitação pela população (Oliveira et al., 2005).

No entanto, o sucesso econômico da produção de carne não depende apenas das características qualitativas de carcaça. Aspectos quantitativos, como rendimentos e índices produtivos, devem ser levados em consideração. A conformação de carcaça precisa ser melhorada, pois as codornas apresentam baixo rendimento de cortes nobres, como peito e pernas (Almeida et al., 2002).

Embora as codornas utilizem a energia do milho e do farelo de soja de forma semelhante aos frangos e galinhas, as exigências nutricionais delas são diferentes. Por razões óbvias, não é aconselhável alimentar codornas com dietas de frangos e galinhas, porque as codornas exigem mais proteína (aminoácidos) e menos cálcio na dieta (Silva et al., 2011).

2.4 Regressão Aleatória

O uso de metodologias que possam estimar os parâmetros genéticos dos animais, de forma mais acurada, pode contribuir para o aumento dos ganhos obtidos com a seleção. Nesse sentido, os Modelos de Regressão Aleatória (MRA) têm sido reconhecidos em razão da sua utilidade para a análise de dados longitudinais na área de melhoramento genético (Souza et al., 2008).

Características que são medidas diversas vezes ao longo da vida do animal, são consideradas como longitudinais, ou seja, características de dimensão infinita, essas medidas são mais correlacionadas quanto mais próximas estão entre si (Albuquerque, 2003).

Kirkpatrick & Heckman (1989) definem estas características como aquelas que o fenótipo do indivíduo pode ser descrito por uma função, em vez de um número determinado de mensurações. Como exemplo de característica longitudinal, os mesmos autores citam a trajetória de crescimento de um animal, a qual pode ser considerada como uma função que relaciona a idade do indivíduo com algumas mensurações de seu tamanho. Com isso, o tamanho do animal para cada idade diferente, pode ser considerado como característica distinta, havendo, então, um número infinito de idades. Isto poderia ser explicado por diferentes genes que se expressam em diferentes idades do animal, causando alterações fisiológicas e no desempenho do indivíduo (Schaeffer, 1997).

Os modelos de regressão aleatória têm sido utilizados, no melhoramento animal, para modelar registros diários de produção de leite durante a lactação (El Faro & Albuquerque, 2003; Breda et al., 2006), para modelar o crescimento corporal de animais (Sakaguti et al., 2003; Fischer et al., 2004; Sarmiento et al., 2006), assim como em estudos de normas de reação, que avaliam a sensibilidade do genótipo às variações de ambiente (Meyer & Hill, 1997; Kolmodin et al., 2002; Bonafé et al., 2011, Santos et al., 2008).

A resposta a variações gradativas no ambiente de produção pode ser caracterizada por meio de normas de reação obtidas por funções de covariância via MRA (Kirkpatrick et al., 1990) sendo possível identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental (Kolmodin et al., 2002).

As funções de covariância podem ser obtidas a partir das matrizes de variância e covariância dos modelos de dimensão finita, ou por meio das matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão, estimadas pelos MRA (Van der Werf & Schaeffer, 1997; Meyer, 1998).

Dentre os vários métodos de avaliação, destacam-se os modelos de repetibilidade, os modelos de características múltiplas e, mais recentemente, os modelos de regressão aleatória (Valente, 2007).

O modelo de repetibilidade é considerado a forma mais simples para analisar os dados longitudinais e pressupõe que todas as mensurações feitas são pertencentes à mesma característica. Todavia, esse modelo pressupõe que todas as variâncias, genéticas e não genéticas, não variam ao longo do tempo, isto é, as correlações entre as medidas são iguais à unidade (Sarmiento, 2007).

O modelo de características múltiplas (multicaracterísticas) trata cada medida como se fosse uma característica diferente, permitindo a avaliação do peso dos animais a uma determinada idade predefinida. Porém, o número de parâmetros a ser estimado cresce acentuadamente com aumento do número de características. Com isso, a tentativa de incorporar as informações de várias idades compreendidas numa trajetória torna o modelo excessivamente parametrizado, podendo inviabilizar a análise em razão das limitações computacionais (Sarmiento, 2007).

Os Modelos de Regressão Aleatória (MRA), comparados aos modelos multicaracterísticas que estimam valores para determinado ponto ou idade, apresentam algumas vantagens: abrangem todo o intervalo contínuo em que as medidas forem tomadas, podendo prever o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo (Kirkpatrick e Heckman, 1989), permitem a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o parentesco existente entre os animais, podem utilizar mais eficientemente as informações disponíveis, sem a necessidade de empregar ajustes arbitrários em idades consideradas como padrão (Meyer e Hill, 1997) e podem analisar os efeitos de ambiente peculiar a cada paisagem (Jamrozik et al., 1997a), com potencial aumento da acurácia de seleção (Dionello et al., 2008).

2.5 Normas de Reação

Dentre as formas de se avaliar a Interação Genótipo x Ambiente (IGA), a Norma de Reação (NR) tem se destacado, sendo uma função de covariância que permite atribuir a cada animal dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e inclinação), que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. Sendo assim, cada indivíduo terá um valor genético para cada ambiente diferente, caracterizando a IGA (Rodrigues, 2012).

Diferenças na sensibilidade dos indivíduos às mudanças de ambiente resultam na IGA (Falconer e MacKay, 1996). O estudo das diferenças na sensibilidade dos valores genéticos pode ser feito utilizando-se norma de reação, que é conceitualmente definida como a mudança sistemática na expressão média de uma característica fenotípica que ocorre em resposta à modificação sistemática de uma variável ambiental (Jong, 1990), ou seja, o fenótipo expresso a partir de um genótipo é função do ambiente.

Para a predição da norma de reação, são utilizados modelos de regressão aleatória (Kirkpatrick et al., 1990) que consideram as características como funções contínuas de um gradiente ambiental. Assim, é possível identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato ambiental e generalizar esse desempenho para um número infinito de ambientes, além de remover o limite de número de registros e permitir considerar a heterogeneidade de variâncias (Meyer, 2003).

Do ponto de vista estatístico, por meio das funções de covariância (Kirkpatrick et al., 1990), a norma de reação pode ser generalizada para número infinito de ambientes, possibilitando-se estudar a norma de reação dos animais para variações gradativas no ambiente de produção, pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio do desempenho observado em cada ambiente (De Jong, 1995). A vantagem deste modelo é que a resposta à seleção pode ser predita não somente na expressão fenotípica em todo ambiente, mas também na sensibilidade ambiental da característica às mudanças do gradiente ambiental (De Jong e Bijma, 2002).

Na norma de reação de regressão aleatória linear, segundo Valente (2007), atribui-se a cada animal avaliado, dois coeficientes de regressão aleatórios, o coeficiente linear também chamado intercepto, representado por a e coeficiente angular, b , que é a inclinação da reta da norma de reação que mede o aumento ou redução no desempenho do genótipo para cada ambiente X . A expressão $a+bX$ prediz o valor genético em função da qualidade do ambiente. Maiores valores de b significam maior sensibilidade ou capacidade de resposta à mudança ambiental.

2.6 Homogeneidade e Heterogeneidade de variância residual

Modelos que consideram heterogeneidade residual contêm quantidade maior de parâmetros e, por consequência, suas matrizes de incidência são mais complexas, o que pode dificultar a convergência na estimação dos componentes de variância, principalmente no caso de número elevado de informações (Felipe et al., 2012).

Vários trabalhos têm mostrado a necessidade de considerar heterogeneidade de variâncias residuais em modelos de regressão aleatória (Meyer, 2000, em bovinos de corte; Lewis & Brotherstone, 2002, em ovinos de corte; e El Faro & Albuquerque, 2003, em bovinos de leite).

Uma consequência direta da heterogeneidade de variâncias é o risco de selecionar uma maior proporção de animais de maior variabilidade fenotípica e não de maior valor genético, podendo com isso reduzir o ganho genético (Ramos et al., 1996).

Quando ignorada, a heterogeneidade de variâncias genética e/ou residual pode levar a redução da precisão dos valores genéticos preditos e, consequentemente, a redução da resposta à seleção (Garrick & Van Vleck, 1987).

Um dos principais problemas dos componentes de variâncias heterogêneos na avaliação genética é que animais acima da média podem ser superavaliados nos rebanhos com maior variação e, consequentemente, maior proporção de animais provenientes desses rebanhos será selecionada (Varkoohi et al., 2006).

Estudos iniciais usando os MRA, como os de Jamrozik & Schaeffer (1997) e Jamrozik et al. (1997b), desconsideravam estrutura heterogênea de variâncias para os resíduos, o que, aliado a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, levou a superestimativas das variâncias genéticas aditivas.

A modelagem considerando as variâncias residuais heterogêneas para cada classe pode melhorar a partição da variação total, mas proporciona um aumento no número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança. Têm-se testado algumas alternativas para se obter MRA mais parcimonioso, sem que ocorra perda na qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios. Estudos têm proposto a utilização de estruturas de variâncias residuais distintas, com número reduzido de classes de variâncias, por intermédio do agrupamento de classes que contenham variações semelhantes ou por meio de funções de variância residuais, utilizando polinômios ortogonais de Legendre ou ordinários (Olori et al., 1999; Meyer, 1999; Brotherstone et al., 2000; Albuquerque & Meyer, 2001).

Dessa maneira, busca-se a utilização de modelos mais parcimoniosos, sem perda da qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios considerados (Meyer, 1999, 2001; Albuquerque & Meyer, 2001).

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, n.11, p.2776-2789, 2001.
- ALBUQUERQUE, L.G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características decrescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 83f. Tese (Livre-docente)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de Jaboticabal, 2003.
- ALENCAR, M.M., A.S. MASCIOLI E A.R.FREITAS. Evidências de Interação Genótipo x Ambiente sobre Características de Crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G.; RAMOS, P.R. et al. Growth performance of meat male quails (*Coturnix* sp.) of two lines under two nutritional environments. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.2, p.103-108, 2002.
- ARAÚJO, C.V.; BTTENCOURT, T.C.B.S.C.; ARAÚJO, S.I.; et al. Estudo da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.9, p.1902-1908, 2011.
- ARC., 1981. The Nutrient Requirements of Pigs. **Common wealth Agricultural Bureau Slough**, UK. 307p.
- BONAFÉ, C. M.; TORRES, R. A. T.; SARMENTO, J. L. R. S. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.4, p.765-771, 2011.
- BREDA, F.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; YAMAKI, M. et al. M.T. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de cabras da raça Alpina. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.396-404, 2006.
- BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. Genetic modelling of daily yield using orthogonal polynomials and parametric curves. **Journal of Animal Science**, v.70, n.3, p.407-415, 2000.
- CARNEIRO, A.P.S.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. et al. Erros na classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente superiores avaliados na presença de heterogeneidade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1907-1914, 2006.
- CARNEIRO, A.P.S.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. et al. F.F. Heterogeneidade e avaliação genética em bovinos, estudo utilizando dados simulados. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v.30, n.1, p.113-119, 2008.
- CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1680-1688, 2002.
- CASTRO, A.J.; GOMES, P.C.; PUPA, J.M.R. et al. Exigência de triptofano para frangos de corte de 1 a 21 dias de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1743-1749, 2000.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

CORZO, A.; KIDD, M.T.; DOZIER, W.A. et al. Dietary threonine needs for growth and immunity of broilers raised under different litter conditions. **Journal of Applied Poultry Research**, v. 16, n.4, p. 574-582, 2007.

CUARÓN, J.A. Proteína Ideal em La Alimentación de Cerdos: Aspectos Práticos. In: BUTOLO, J.E., JUNQUEIRA, O.M.; MIYADA, V.S.; CYRINO, J.E.P. (Eds.). Simpósio Sobre Manejo e Nutrição de Aves e Suínos. **Anais...CBNA**. Campinas, SP. p. 197-220, 2000.

DEPONTI, B.J.; FARIA, D.E.; FARIA, D.E. et al. Exigências de triptofano e padrão de recuperação do desempenho de poedeiras comerciais após alimentação com rações deficientes em triptofano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.5, p.1324-1330, 2007.

De JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. **American Naturalist**, v.145, n.4, p.493-512, 1995.

De JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, n.3, p.195-214, 2002.

DIONELLO, N. J. L.; CORREA, G. S. S.; SILVA, M. A. et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.2, p.454-460, 2008.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte. 1999. 63p. (Documentos, 75).

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, v.86, n.830, p.293-298, 1952.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics.4.ed. Harlow: Longman, 1996. 464p.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R.; VALENTE, B.D. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.4, p.0102-0935, 2012.

FERNANDEZ, R.S.; AOYAGI, S.; HAN, Y. et al. Limiting order of amino acid in corn and soybean cereal for growth of the chick. **Poultry. Science.**, v.73, n.12, p.1887-1896, 1994.

FRAIHA, M. Avaliação em nutrição protéica para frangos de corte. Disponível em: <http://www.ajinomoto.com.br>. Acesso em: 02/09/2015.

FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J.H.J.; BANKS, R.G.; BALL, A.J. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v.89, n.2-3, p.175-185, 2004.

GARRICK, D.J.; Van VLECK, L.D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. **Journal of Animal Science**, v.65, n.2, p.409-421, 1987.

GONÇALVES, F. M., PIRES, A.V., PEREIRA, I. G., et al. Genetic Evaluation of European quails by random regression models. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.41, n.9, p.2005-2011, 2012.

HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584- 1594, 2008.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.4, p.762-770, 1997a.

JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J.; DEKKERS, J.C.M. et al. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.10, p.2550-2556, 1997b.

JONG, G. Quantitative genetics of reaction norms. **Journal of Evolutionary Biology**, v.3, n. 5-6, p.447-468, 1990.

KIM, W.K.; FROELICH JR., C.A.; PATTERSON, P.H. The potential to reduce poultry nitrogen emissions with dietary methionine or methionine analogues supplementation. **World's Poultry Science Journal**, v.62, n.2, p.338-353, 2006.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, n.4, p.429-450, 1989.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculturae Scandinavica; Section A - Animal Sciences**, v.52, n.1, p.11-24, 2002.

KOLMODIN, R.; BIJMA, P. Response to mass selection when the genotype by environment interaction is modelled as a linear reaction norm. **Genetics, Selection, Evolution**, v.36, n.4, p.435-454, 2004

LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, n.1, p.63-70, 2002.

LIMA, H.J.D. **Relações metionina + cistina, treonina e triptofano com a lisina e níveis de lisina digestível em rações para codornas japonesas na fase de crescimento**. Viçosa, MG: UFV, 2012. 91p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2012.

LÓPEZ, R.M.; MÉNDEZ, T.J.; GONZÁLEZ, E.A. et al. Necesidades de treonina en polos sometidos a dos calendarios de vacunación. *Veterinária México*, v.32, n.3, p.189-194, 2001.

MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; NUNES, M.E. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando Inferência Bayesiana. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, n.6, p.2275-2284, 2006.

MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. *Livestock Production Science*, v.47, n.3, p.185-200, 1997.

MEYER, K. "DXMRR" – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: University of New England, 1998. CD ROM.

MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.116, n.3, p.181-205, 1999.

MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. *Livestock Production Science*, v.65, n.1-2, p.19-38, 2000.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. *Genetics Selection Evolution*, v.33, n.2, p.487-514, 2001.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livestock Production Science*, v.86, n.1-3, p.69-83, 2003.

MOURA, A.M.A. Conceito da proteína ideal aplicada na nutrição de aves e suínos. *Revista Eletrônica Nutritime*, v.1, n.1, p.31-34, 2004.

OLIVEIRA, E.G.; ALMEIDA, M.I.M.; MENDES, A.A. et al. Avaliação do rendimento de carcaça de codornas para corte alimentadas com dietas com diferentes níveis proteicos. *Archives of Veterinary Science*, v.10, n.3, p.42-45, 2005.

OLORI, V.E.; HILL, W.G.; MCGUIRK, B.J. et al. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livestock Production Science*, v.61, n.1, p.53-63, 1999.

PARSONS, C. M., BAKER, D. H., . The concept and use of ideal proteins in the feeding of non-ruminants. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 31, Maringá. **Anais...** Maringá: SBZ, p. 120-128, 1994.

PEREIRA, J. C. CAMPOS. *Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal*, 5ª edição, 2008. 618p.

RAMOS, A.A., VALENCIA, E.F.T., WECHSLER, F.S. et al. Heterogeneidade da variância das características produtivas de bovinos da raça Holandesa nos trópicos. I $\frac{3}{4}$ Estratificação por nível de produção de rebanho. In: XXXIII REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 1996, Fortaleza, CE, **Anais...** Fortaleza, 1996:71-73.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.

RODRIGUES, D.T. **Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação**. 2012. 86 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) Universidade Federal de Viçosa. 2012.

SÁ, L. M.; GOMES, P. C.; CECON, P. R. et al. Exigência nutricional de treonina digestível para galinhas poedeiras no período de 34 a 50 semanas de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n.6, p.1846-1853, 2007.

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análise de funções de covariância. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864-874, 2003.

SANTOS, G.G.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Avaliação de carcaça de codornas GSS1 para corte alimentadas com dietas contendo diferentes níveis de metionina + cistina. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia. (CD-ROM).

SANTOS, G.G., CORRÊA, G.S.S., VALENTE, B.D. et al. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.1, p.68-77, 2006.

SARMENTO, J.L.R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. Viçosa; UFV, 2007. 101p. Tese (Doutorado)-Universidade Federal de Viçosa. 2007.

SARMENTO, J.L.R.; ALBUQUERQUE, L.G.; TORRES, R.A. et al. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.8, p.1723-1732, 2010.

SCHAEFFER, L.R. 1997. Rndom Regression. <http://chuck.agsci.colostate.edu/wais/logs/agdg869258263.html>. Acessado em novembro de 2014.

SILVA, J.H.V.; JORDÃO FILHO, J.; COSTA, F.G.P. et al. Exigências nutricionais de codornas. In: XXI Congresso Brasileiro de Zootecnia- ZOOTECH, 21, 2011, Maceió. **Anais...** Maceió: UFAL, 2011.

TON, A. P. S.; FURLAN, A. C.; MARTINS, E. N. et al. Exigências de lisina digestível e de energia metabolizável para codornas de corte em crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Brasília, v.40, n.3, p.593-601, 2011.

UMIGI, R.T.; BARRETO, S.L.T.; DONZELE, J.L. et al. Níveis de treonina digestível em dietas para codorna japonesa em postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.1868-1874, 2007.

VALENTE, B. D. **Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões sudeste e centro-oeste**. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento animal), Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, 2007, 39p.

VAN DER WERF, J.H.J.; SCHAEFFER, L.R. **Random regression in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1997. 58p. (course notes).

VAN HEUGTEN, C.; VAN KEMPEN, T. Methods may exist to reduce nutrient excretion. **Feedstuffs**, v.71, n.17, p.12-19, 1999.

VARKOOHI, S.H.; MIRAEI-ASHTIANI, S.R.; MEHRABANI-YEGANEH, H. Heterogeneity of variance for milk traits at production levels in Holstein dairy cattle 19 in Iran and the best method(s) for data transformation. In: WORLD CONGRESS 20 ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, MG, Brasil. CD-ROM.

WARWICK, E.J.; LEGATES, J. Cría y major adelganado. 3 ed. México: McGraw-Hill, 1980. 623 p.

WINTER, E.M.W.; ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G. et al. Aplicação do método Bayesiano na estimação de correlações genéticas e fenotípicas de peso em codornas de corte em várias idades. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1684-1690, 2006 (supl.).

CAPÍTULO 1

ESTIMAÇÃO DE VALORES GENÉTICOS DOS PESOS CORPORAIS E CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇAS DE CODORNAS EUROPEIAS EM FUNÇÃO DOS NÍVEIS DA RELAÇÃO TREONINA E LISINA DAS DIETAS: NASCIMENTO AOS VINTE E UM DIAS DE IDADE

RESUMO

O presente trabalho foi realizado com objetivo de avaliar a sensibilidade dos valores genéticos dos pesos corporais e características de carcaças de codornas europeias às mudanças do gradiente ambiental (níveis da relação treonina com a lisina das dietas), do nascimento aos 21 dias de idade, por meio de Modelos de Regressão Aleatória com diferentes classes de variância residual. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de 915 codornas de corte da linhagem LF1 e 839 da linhagem LF2, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal de dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. Foram avaliados os pesos corporais das aves aos 21, 28 e 35 dias de idade de codornas alimentadas com dietas contendo os níveis de 0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86 da relação treonina: lisina. Foram avaliados os pesos pré-abate e os pesos e rendimentos da carcaça, peito, coxa + sobrecoxa. As sensibilidades dos valores genéticos às mudanças nos níveis da relação treonina: lisina (interação genótipo X ambiente) foram obtidas por Modelos de Regressão Aleatória (utilizando Normas de Reação) por meio do programa WOMBAT que utiliza o princípio da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). O modelo de regressão aleatória que considerou duas classes de variância residual foi o mais indicado para a maioria das análises realizadas. As estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações foram influenciadas pela alteração nos níveis de treonina na dieta. Verificaram-se alterações na classificação dos valores genéticos para as duas linhagens de codornas de corte estudadas. Isto implica que codornas selecionadas em um nível da relação treonina: lisina podem não expressar todo seu potencial genético quando alimentadas com dietas contendo nível diferente dessa relação. Esse comportamento indica sensibilidade de valores genéticos aditivos às mudanças nutricionais, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente. A predição dos valores genéticos deve ser feita com o mesmo nível da relação treonina: lisina da dieta que as codornas serão alimentadas no sistema de produção.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix*. Sensibilidade de valor genético. Heterogeneidade de variância residual.

ESTIMATION OF BREEDING VALUES OF BODY WEIGHT AND CARCASS TRAITS OF EUROPEAN QUAILS IN FUNCTION OF THREONINE: LYSINE RATIOS OF DIETS: FROM HATCH TO 21 DAYS OF AGE

ABSTRACT

This research was carried out to evaluate the sensitivity of breeding values of body weight and carcass traits in two lines of European quails (LF1 and LF2) to changes in the environment gradient (levels of threonine: lysine ratio of diets) from hatch to 21 days of age in two lines LF1 and LF2 using Random Regression Models with different classes of residual variance. Records are from 915 quails of line LF1 and 839 of line LF2 belonging to the Breeding Improvement Program of *Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri* Live body weight and weights and yields of carcass, breast, and thigh and drumstick were measured. The sensitivities of breeding values to changes in threonine: lysine ratios (genotype x environment interaction) of diets were obtained by random regression models (reaction model) using the WOMBAT program by means of Restricted Maximum Likelihood principle. Model considering two classes of residual variance showed the best goodness of fit. The genetic variances, heritability and genetic correlations were affected by changes in the levels of threonine: lysine ratios of diets. The Reaction Norms analyses indicated changes in the ranking of breeding values for both lines suggesting quails selected in one level of threonine: lysine ratio will not express all their genetic potential if fed different threonine: lysine ratio diets. This behavior indicates sensitivity of breeding values to changes in the nutrition characterizing the genotype by environment interaction. The prediction of breeding values must be performed using the same level of threonine: lysine ratio in diet the quails will be fed in the production system.

Key words: *Coturnix coturnix*. Sensitivity of breeding value. Residual variance heterogeneity.

INTRODUÇÃO

Em razão do constante melhoramento genético, as linhagens de codornas têm expressado seu alto potencial produtivo cada vez mais cedo. Contudo, esse potencial produtivo só é aproveitado com eficiência, quando se tem, além de outros fatores, o fornecimento apropriado de todos os nutrientes exigidos pelas aves (Runho et al., 2001).

Várias pesquisas têm buscado informações que possam contribuir para redução dos custos com a alimentação e dos teores de proteína bruta das dietas, de forma que minimize o impacto ambiental. A redução no conteúdo de proteína não permite adequado desempenho das aves, sendo necessário observar também as proporções entre os aminoácidos.

A treonina é um aminoácido essencial para aves, sendo encontrado em maior concentração na mucina (presente na mucosa intestinal) e nos anticorpos (Nogueira, 2006), e sua deficiência pode comprometer o funcionamento do sistema digestivo e imunológico, além de reduzir sua disponibilidade para a síntese de proteína muscular (Ajinomoto, 2007).

Os Modelos de Regressão Aleatória (MRA) têm sido propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais por admitirem ajustar uma trajetória aleatória para cada indivíduo como desvios de uma trajetória média da população, fazendo assim, com que cada animal tenha uma forma diferente em seus desempenhos genéticos (Mercadante et al., 2002).

Dessa forma, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de coeficientes de regressão que representam o comportamento do valor genético aditivo de cada animal no aspecto avaliado em função do tempo (idade) ou qualquer outra variável contínua. Dessa forma, infinitos valores da variável independente são considerados dentro de um intervalo definido. Por essa razão, o modelo não exige utilização de fatores de ajuste para idades consideradas como padrão e permite melhor utilização dos dados disponíveis, já que todas as informações do indivíduo e de seus parentes são utilizadas (Silva, 2008).

Por meio das funções de covariância é possível determinar a norma de reação dos animais e as variações gradativas no ambiente de produção, que podem ser obtidas pela regressão do desempenho dos genótipos pelo valor médio observado em cada ambiente (De Jong, 1995; Falconer & Mackay, 1996).

No melhoramento genético animal, o conhecimento da interação genótipo x ambiente tem se tornado cada vez mais importante. Diferenças na sensibilidade dos indivíduos em razão das mudanças de ambiente resultam na Interação Genótipo X Ambiente (IGA) (Falconer & MacKay, 1996). Nesta perspectiva, a presença da IGA pode causar

mudança no ordenamento dos valores genéticos dos animais, de forma que aquele que apresenta melhor desempenho em um ambiente, pode não apresentar o mesmo potencial em outro ambiente, ou pode também alterar a variância genética aditiva, o que causa maior semelhança entre valores genéticos em um ambiente do que em outro por menor ou maior dispersão desses valores, respectivamente (Felipe, 2012).

Dentre as formas de se avaliar a IGA, a Norma de Reação tem se destacado, sendo ela uma função de covariância que permite atribuir a cada animal dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e inclinação), que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. Com isso, cada animal terá um valor genético para cada ambiente, caracterizando e considerando a IGA (Rodrigues, 2012).

O modelo de normas de reação pode ser generalizado para número infinito de ambientes, permitindo assim o estudo da norma de reação dos animais para variações gradativas no ambiente de produção, pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio do desempenho observado em cada ambiente (De Jong, 1995).

Os primeiros estudos que utilizavam os modelos de regressão aleatória (Jamrozik & Schaeffer, 1997) admitiam a estrutura homogênea de variâncias residual que, aliada a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, superestimavam as variâncias genéticas aditivas. A modelagem, ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. Entretanto, pode proporcionar aumento no número de parâmetros a serem estimados, o que dificulta a convergência na estimação dos componentes de variância.

Objetivou-se no presente estudo avaliar a sensibilidade dos valores genéticos de pesos corporais e características de carcaças às mudanças nas relações treonina: lisina das dietas de codornas de corte, do nascimento aos 21 dias, usando modelos de regressão aleatória com diferentes classes de variâncias residuais.

MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada com autorização da Comissão de Ética no Uso de Animais da UFVJM, protocolo número 027/2014.

O experimento foi desenvolvido no Setor de Avicultura, do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, localizada em Diamantina-MG.

Foram utilizadas duas linhagens (LF1 e LF2) de codornas de corte (*Coturnix coturnix*) do Programa de Melhoramento de Aves da UFVJM, sendo 915 aves da LF1 e 839 da LF2.

As codornas foram criadas no galpão de codornas do Departamento de Zootecnia da UFVJM em boxes de alvenaria telados, forrados com cama de maravalha em condições de produção comercial, equipado com campânulas de aquecimento, bebedouro copo tipo pressão e comedouro tipo bandeja, com água e alimentação à vontade durante 35 dias.

Do nascimento aos 21 dias de idade as codornas receberam a dieta experimental (os cinco níveis da relação treonina: lisina – Tabela 1), de 22 a 35 dias de idade, foi fornecida dieta única para todos os animais (Tabela 2). As dietas foram fornecidas à vontade. A limpeza dos bebedouros foi realizada diariamente.

As codornas foram alojadas do nascimento aos 14 dias de idade, em 5 boxes de 5m² cada, com 350 aves por box (densidade de 142 cm² por ave). De 14 aos 35 dias de idade, as codornas foram redistribuídas em 10 boxes, com aproximadamente 175 animais por box (densidade de 285 cm² por ave). Todas as aves foram pesadas individualmente aos 21, 28 e 35 dias de idade. As aves foram abatidas aos 35 dias de idade para a avaliação das características de carcaça.

O programa de luz adotado foi contínuo (24 horas de luz artificial) de 1 a 21 dias de idade, sendo utilizadas lâmpadas infravermelho de 250 watts; de 22 a 35 dias de idade foi fornecida apenas a luz natural; O monitoramento da temperatura foi feito com auxílio de termômetros digitais instalados nos boxes e com base no comportamento das aves dentro das unidades experimentais.

As dietas fornecidas para as aves (Tabelas 1) foram balanceadas com base no conteúdo aminoacídico digestível dos alimentos apresentados em Rostagno et al.(2011), e segundo as exigências nutricionais recomendadas por Silva e Costa (2009). A fim de assegurar que nenhum aminoácido ficasse deficiente na dieta, foram acrescentados 3% nas exigências de cada aminoácido, exceto lisina digestível e treonina digestível.

Tabela 1: Composição e valor nutricional das dietas experimentais, na matéria natural, para codornas de corte de 1 a 21 dias de idade

Ingredientes (g/kg)	Relação treonina : lisina				
	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
Composição (%)					
Milho Moído	48,96	48,96	48,96	48,96	48,96
Farelo de Soja (45%)	44,82	44,82	44,82	44,82	44,82
Óleo de soja	1,61	1,61	1,61	1,61	1,61
Calcário	1,20	1,20	1,20	1,20	1,20
Fosfato Bicálcico	1,10	1,10	1,10	1,10	1,10
Sal Comum	0,38	0,38	0,38	0,38	0,38
Mistura Mineral ¹	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Mistura Vitaminica ²	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Antioxidante ³	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Coccidiostático ⁴	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
DL- Metionina	0,37	0,37	0,37	0,37	0,37
L- Treonina	0,00	0,05	0,12	0,19	0,25
L- Isoleucina	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09
L- Arginina	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
L-Glutâmico	0,30	0,25	0,18	0,11	0,05
Amido	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
Total	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
Proteína Bruta (%)	24,54	24,54	24,54	24,54	24,54
Cálcio (%)	0,85	0,85	0,85	0,85	0,85
Fósforo disponível (%)	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32
Sódio (%)	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17
Fibra bruta (%)	3,27	3,27	3,27	3,27	3,27
Aminoácidos digestíveis (%)					
Lisina	1,25	1,25	1,25	1,25	1,25
Metionina +Cistina	1,02	1,02	1,02	1,02	1,02
Triptofano	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28
Treonina	0,84	0,88	0,95	1,02	1,07
Arginina	1,80	1,80	1,80	1,80	1,80
Isoleucina	1,07	1,07	1,07	1,07	1,07
Valina	1,04	1,04	1,04	1,04	1,04

¹ Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

² Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁ :2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆:5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

³Butil-hidróxi-tolueno. ⁴Salinomicina 12%

Dos 22 aos 35 dias de idade todas as codornas foram alimentadas à vontade com dieta contendo 26,12% de proteína bruta e 2900 kcal EM/kg (Tabela 2).

Tabela 2. Composição da dieta utilizada para codornas de corte dos 22 aos 35 dias de idade

Ingrediente (g/kg)	Composição (%)
	0,81
Milho Moído	50,97
Farelo de Soja (45% PB)	34,11
Glúten de Milho (60%)	10,00
Calcário Calcítico	1,22
Fosfato Bicálcico	1,16
Sal Comum	0,38
Mistura Mineral ⁽¹⁾	0,20
Mistura Vitaminica ⁽²⁾	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01
L- Lisina HCl (78%)	0,23
DL- Metionina (99%)	0,25
L- Treonina (98%)	0,12
L- Isoleucina (99%)	0,06
L- Arginina (99%)	0,34
L-Glutâmico (99%)	0,24
Amido	0,51
Total	100,00
Composição calculada	
Energia Metabolizável (kcal/kg)	2900,00
Proteína Bruta (%)	26,12
Cálcio (%)	0,850
Fósforo Disponível (%)	0,320
Sódio (%)	0,170
Fibra Bruta (%)	2,720
Aminoácidos digestíveis (%)	
Lisina	1,250
Metionina +Cistina	1,010
Triptofano	0,212
Treonina	0,987
Arginina	1,798
Isoleucina	1,075
Valina	1,104

¹Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

²Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁: 2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆: 5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

Na modelagem da variância residual, foram consideradas classes de acordo com os níveis de treonina na dieta. A variância residual homogênea: CL1 (uma classe), considerando o intervalo total de 0,66 a 0,86 de treonina na dieta. Para as variância residuais heterogêneas foram considerados os intervalos: CL2 (duas classes): 0,66 a 0,70 e 0,71 a 0,86; CL3 (três classes): 0,66 a 0,70, 0,71 a 0,75 e 0,76 a 0,86; CL4 (quatro classes): 0,66 a 0,70,

0,71 a 0,75, 0,76 a 0,80 e 0,81 a 0,86, com o total de quatro diferentes modelos para serem utilizados nas análises dos dados.

O modelo de norma de reação para análise dos dados é representado por:

$$y_{hij} = \sum_{k=0}^1 b_{jk} x_k(i) + \sum_{k=0}^1 a_{hk} x_k(i) + e_{hij}$$

Em que:

y_{hij} é a observação da codorna h , do sexo j , alimentada com dieta de nível da relação treonina: lisina i ; b_{jk} é o coeficiente de regressão fixo k atribuído ao sexo j ; a_{hk} é o coeficiente de regressão aleatória k de efeito genético aditivo direto atribuído à h ; $x_k(i)$ é o polinômio de Legendre k associado ao nível da relação treonina: lisina i e e_{hij} é o resíduo associado à observação y_{hij} sendo que este foi o único efeito que não foi considerado uma função da relação de treonina: lisina das dietas.

O modelo em notação matricial é descrito como:

$$y = Xb + Za + e$$

Em que:

y é o vetor de observações; b é o vetor com coeficientes de regressão relativos aos efeitos fixos de sexo; a é o vetor com coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito genético aditivo direto; X e Z são matrizes de incidência dos efeitos em b e a , contendo polinômios de Legendre relativos ao nível de treonina utilizado na observação; e e é o vetor dos resíduos.

Para avaliação do número de classes de variância residual, foi considerado o critério de informação bayesiano (BIC – *Bayesian Information Criterion*), proposto por Schwarz (1978). Este método permite comparar modelos não aninhados e penaliza aqueles com maior número de parâmetros, portanto permite a seleção de modelos mais parcimoniosos (Wolfinger, 1993).

$$BIC = -2\log L + p \log(n),$$

em que: L refere-se ao valor maximizado da função de verossimilhança do modelo ajustado; p é o número de parâmetros livres a serem estimados; e n é o número de observações ou tamanho da amostra, e $\log L$, o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (Wolfinger, 1993). Menores valores de BIC indicam modelos mais adequados (Burnham & Anderson, 2004).

Considera-se ainda que:

$$E(y) = XB$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & \sigma_{b_0 b_1} \\ \sigma_{b_0 b_1} & \sigma_{b_1}^2 \end{bmatrix}$$

$$V(y) = Z(A \otimes G)Z' + I_n \sigma_e^2$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G & \phi \\ \phi & I_n \sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que, $\sigma_{b_0}^2$ e $\sigma_{b_1}^2$ são componentes de variância atribuídos aos coeficientes de regressão constante e linear do efeito genético aditivo direto; $\sigma_{b_0 b_1}$ é o componente de covariância entre os coeficientes de regressão aleatórios do intercepto e linear do efeito genético aditivo direto; σ_e^2 é o componente de variância residual; A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright; n é o número de observações, G é a matriz de covariância genética aditiva, ϕ é o polinômio de Legendre e I_n é a matriz identidade.

Após a obtenção de G , estimações das variâncias e covariâncias genéticas aditivas diretas, para qualquer nível de treonina ou combinação de níveis de treonina, tornaram-se possíveis e foram obtidas por meio de funções de covariância (Kirkpatrick et al., 1990). A partir dessas funções, obtém-se a estrutura de covariância genética aditiva direta em função do nível de treonina da dieta. Assim, a covariância genética aditiva direta entre os níveis de treonina i e j , σ_{aij} foi obtida por:

$$\sigma_{aij} = Z_i G Z_j'$$

Em que:

$$\begin{aligned} Z_i &= [x_0(i) \quad x_1(i)] \\ Z_j &= [x_0(j) \quad x_1(j)] \end{aligned}$$

A estimativa da herdabilidade direta em função do nível de treonina da dieta e classe residual foi feita da seguinte maneira:

$$h_{d_i}^2 = \frac{Z_i G Z_i'}{Z_i G Z_i' + \sigma_{e_j}^2}$$

Em que:

i representa o nível de treonina da dieta, j refere-se à classe residual a qual este nível faz parte e $h_{d_i}^2$ é a herdabilidade direta para o nível de treonina: lisina i

Os componentes de covariância atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados por meio do programa Wombat (2006), que utiliza o método da máxima verossimilhança restrita (REML). Funções de covariância foram utilizadas para estimar a estrutura de covariância genética aditiva, a herdabilidade direta em função dos níveis de treonina da dieta e as classes de variâncias residuais. O critério de convergência adotado foi 1×10^{-11} .

Todas as aves foram pesadas individualmente, do início ao término do experimento, semanalmente.

O abate ocorreu conforme o estabelecido no RIISPOA: Regulamento de Inspeção Industrial e Sanitária dos Produtos de Origem Animal e no Regulamento Técnico da Inspeção Tecnológica e Higiênico-Sanitária de Carne de Aves (Brasil, 1952).

Após jejum alimentar de 10 horas, as aves foram pesadas individualmente. Foi feita a insensibilização por deslocamento cervical; sangria por dois minutos; escalda à temperatura de 52°C para o afrouxamento das penas; retirada das penas realizada por depenadeira mecânica. As carcaças (evisceradas e desprovidas de pés e cabeça) foram lavadas e pesadas, em seguida foram realizados os cortes para obtenção do peso e rendimento da carcaça e de cortes nobres (peito e pernas). Foram avaliados: o peso da carcaça (PCA), peso do peito (PP), peso da coxa + sobrecoxa (PCSC), além do rendimento da carcaça (RCA), rendimento do peito (RP) e rendimento da coxa + sobrecoxa (RCSC). Os rendimentos do peito e coxa + sobrecoxa foram obtidos com relação ao peso da carcaça (PCA) e o rendimento da carcaça foi em relação ao peso pré-abate (PPA).

Foi realizado o descarte das observações das codornas sem identificação de sexo e que apresentavam características de desempenho e carcaça maior ou menor que três desvios-padrão em relação à média da característica das codornas em cada idade (Tabela 3).

Tabela 3: Estatística descritiva dos dados utilizados nas análises referentes às codornas de corte das linhagens LF1 e LF2 para características de desempenho e carcaça

Linhagem	Característica ¹	Nº Observações	Média	Desvio Padrão	Máximo	Mínimo	MP
LF1	P14	708	88,06	11,74	123,28	52,84	1320
	P21	734	154,49	17,17	206,00	102,98	1346
	P28	742	220,12	21,23	283,81	156,43	1354
	P35	754	271,11	24,38	344,25	197,97	1366
	PPA	703	265,82	25,88	343,46	188,18	1311
	Pcarc	718	198,87	20,38	260,01	137,73	1328
	Rcarc	669	74,80	3,59	85,57	64,03	1277
	Ppeito	718	83,94	10,52	115,50	52,38	1328
	Rpeito	715	42,17	2,18	48,71	35,63	1325
	PCSC	719	45,24	5,03	60,33	30,15	1329
	RCSC	713	22,78	1,46	27,16	18,40	1323
LF2	P14	617	85,11	10,57	116,82	53,40	1231
	P21	643	149,09	16,64	199,01	99,17	1258
	P28	642	211,68	21,20	275,28	148,08	1257
	P35	660	262,68	24,64	336,60	188,76	1275
	PPA	612	257,43	26,50	336,93	177,93	1217
	Pcarc	624	191,73	19,05	248,88	134,58	1239
	Rcarc	586	74,54	3,97	86,45	62,63	1191
	Ppeito	624	80,70	9,75	109,95	51,45	1239
	Rpeito	623	42,06	2,44	49,38	34,74	1238
	PCSC	622	43,79	5,03	58,88	28,70	1237
	RCSC	624	22,85	1,56	27,53	18,17	1239

¹P14 = peso aos 14 dias de idade; P21 = peso aos 21 dias de idade; P28 = peso aos 28 dias; P35 = peso aos 35 dias de idade; PPA = peso pré abate; Pcarc = peso da carcaça; Rcarc = rendimento da carcaça; Ppeito = peso do peito; Rpeito = rendimento do peito; Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa; Rrcsc = rendimento da coxa + sobrecoxa; MP = Matriz de parentesco

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para a avaliação da interação genótipo x ambiente, o modelo que considerou duas classes de heterogeneidade de variância residual (Tabelas 4 e 5) foi mais indicado exceto para peso aos 14 dias na linhagem LF1. Portanto, adotou-se o modelo com duas classes de variância residual para todas as análises. Menores valores de BIC indicam modelos mais adequados (Burnham & Anderson, 2004).

Apesar de Bonafé et al. (2011) que ao avaliarem curva de crescimento de codornas de corte os autores verificaram que a variância residual dividida em sete classes proporcionou melhor ajuste que o modelo que considerou variância residual homogênea. Akbas et al. (2004), observaram melhor ajuste quando admitiram a função do polinômio de Legendre de sexta ordem para os efeitos aleatórios e ao considerarem a variância residual constante para todas as idades em avaliação do peso corporal de codornas de corte. Gonçalves et al. (2012), ao realizarem a avaliação genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória, avaliaram seis diferentes classes de variância residual e relataram que o modelo com seis classes de variâncias residuais e de sexta ordem do polinômio de Legendre foi o que apresentou o melhor ajuste, dado pelos menores valores de BIC,.

Em outras espécies e na avaliação de curvas de crescimento os modelos com diferentes classes de variância residual foram mais adequados (Sarmiento, 2007).

Tabela 4: Comparação de modelos com heterogeneidade e homogeneidade de variância residual pelo Critério de Informação Baysiano (BIC)

Linhagem	Peso Corporal ¹	Classes de variância residual	Número de parâmetros	BIC ²
LF1	P14	1	4	3.908,148
		2	5	1.958,085
		3	6	1.959,062
		4	7	1.957,149
	P21	1	4	4.586,241
		2	5	2.289,859
		3	6	2.292,356
		4	7	2.294,475
	P28	1	4	4.415,476
		2	5	2.482,929
		3	6	2.485,472
		4	7	2.488,026
	P35	1	4	5.370,555
		2	5	2.697,772
		3	6	2.700,078
		4	7	2.702,600
LF2	P14	1	4	3.353,783
		2	5	1.680,013
		3	6	1.682,801
		4	7	1.682,572
	P21	1	4	4.065,571
		2	5	2.045,733
		3	6	2.047,755
		4	7	2.048,220
	P28	1	4	4.329,352
		2	5	2.192,179
		3	6	2.194,463
		4	7	2.488,268
	P35	1	4	4.678,824
		2	5	2.362,333
		3	6	2.364,671
		4	7	2.366,888

¹P14, P21, P28 e P35 = pesos corporais aos 14, 21, 28 e 35 dias de idade, respectivamente.

²Critério de Informação Baysiano, com valores em negrito indicando o melhor modelo.

Tabela 5: Comparação de modelos com heterogeneidade e homogeneidade de variância residual pelo Critério de Informação Baysiano (BIC)

Linhagem	Característica ¹	Classes de variância residual	Número de parâmetros	BIC ²
LF1	PPA	1	4	5010,646
		2	5	2479,303
		3	6	2481,194
		4	7	2480,863
	Pcarc	1	4	4728,432
		2	5	2377,545
		3	6	2378,627
		4	7	2381,172
	Rcarc	1	4	1953,924
		2	5	984,699
		3	6	980,926
		4	7	980,304
	Ppeito	1	4	3800,568
		2	5	1921,157
		3	6	1923,657
		4	7	1925,728
	Rpeito	1	4	1726,557
		2	5	877,643
		3	6	878,358
		4	7	879,993
	Pcsc	1	4	2830,271
		2	5	1433,269
		3	6	1447,767
		4	7	1449,668
	Rcsc	1	4	1096,212
		2	5	581,9312
		3	6	584,0107
		4	7	569,6901
LF2	PPA	1	4	4382,381
		2	5	2173,145
		3	6	2174,804
		4	7	2174,608
	Pcarc	1	4	4049,745
		2	5	2051,045
		3	6	2053,311
		4	7	2055,121
	Rcarc	1	4	1783,254
		2	5	890,704
		3	6	892,117
		4	7	893,916
	Ppeito	1	4	3234,661
		2	5	1649,269
		3	6	1649,705
		4	7	1653,804
	Rpeito	1	4	1486,142
		2	5	748,2018
		3	6	750,695
		4	7	747,489
	Pcsc	1	4	2373,625
		2	5	1227,686
		3	6	1231,055
		4	7	1231,403
	Rcsc	1	4	939,855

	2	5	506,299
	3	6	507,303
	4	7	509,155

¹PPA = peso pré-abate, Pcarc = peso da carcaça, Rcarc = rendimento da carcaça, Ppeito = peso do peito, Rpeito = rendimento do peito, Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa e Rcsc = rendimento da coxa + sobrecoxa.

²*Critério de Informação Bayesiano* com valores em negrito indicando o melhor modelo

Observa-se que para peso aos 14 dias (LF1 - acima da diagonal principal) e para peso aos 21 dias (LF2 - abaixo da diagonal principal), com base nas recomendações de Robertson (1959), (correlações menores que 0,80), que ocorre interação genótipo x ambiente (Tabela 6) entre os níveis 0,66 e 0,86 da relação treonina: lisina.

Para peso aos 28 e 35 dias de idade em ambas as linhagens, peso aos 14 dias (LF2) e peso aos 21 dias (LF1) as estimativas de correlações genéticas foram todas maiores que 0,80, indicando que a maioria dos genes que atua em um nível de treonina atua nos demais (Robertson, 1959; Cavalcante-Neto et al., 2011).

Para a linhagem LF2, a correlação genética entre os níveis da relação treonina: lisina 0,66 e 0,86 para peso pré-abate é menor que 0,8 indicando, interação genótipo x ambiente branda.

Para do peso da coxa + sobrecoxa ocorre interação entre os níveis (0,66 e 0,86), no qual os valores de correlação genética estimados foram menores que 0,80 e para rendimento da coxa + sobrecoxa, observam-se valores menores que 0,8 na interação entre o nível 0,66 e os demais níveis da relação treonina: lisina (Tabela 7).

Para as duas linhagens (LF1 e LF2) ocorrem interação genótipo x ambiente para as características de peso e rendimento da carcaça e peso e rendimento do peito. As correlações foram altas, maiores que 0,8, assim como para a linhagem LF1 para as características de peso da coxa + sobrecoxa e peso pré-abate.

Resultados semelhantes foram encontrados por Winter et al. (2006), ao trabalharem com pesos corporais de codornas de corte de 7 a 42 dias de idade, onde encontraram maiores correlações genéticas entre pesos corporais com idade de 28 e 42 dias.

Gonçalves et al. (2012), ao avaliarem a correlação genética para pesos de codornas de corte de 1 a 42 dias de idade, também observaram que as estimativas de correlações genéticas entre os pesos na maioria das idades foram altas e positivas, com exceção das correlações entre o peso ao nascer e os demais pesos corporais.

Os resultados estão de acordo com Dionello et al. (2008), que ao avaliarem a correlação genética entre peso corporal do nascimento aos 42 dias de idade de codornas de corte, indicaram que as correlações genéticas entre o peso ao nascimento e os demais pesos

corporais foram negativas e a partir do 7º dia de idade as correlações genéticas entre os pesos corporais apresentam-se altas e positivas. Os autores também sugerem que a seleção das codornas poderia ser realizada a partir do peso corporal aos 28 dias de idade, ocasião em que ocorreu aumento expressivo no valor da herdabilidade da característica. Bonafé et al. (2011), ao avaliarem a correlação genética de codornas de corte, com idade de 1 a 42 dias, em duas linhagens, também encontraram, correlações entre peso nas diversas idades variando de média a altas e positivas, à exceção entre peso ao nascer e os demais pesos.

Observa-se que a maioria das interações ocorre com os níveis de treonina de 0,66 e 0,86 o que indica nestes casos interação genótipo x gradiente ambiental.

Tabela 6: Estimativas das correlações genéticas entre os pesos corporais nos diferentes níveis da relação treonina: lisina para as linhagens LF1 (acima da diagonal) e LF2 (abaixo da diagonal)

Peso corporal aos 14 dias de idade					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,987	0,940	0,848	0,715
0,71	0,985	-	0,982	0,921	0,817
0,76	0,935	0,982	-	0,978	0,911
0,81	0,851	0,929	0,982	-	0,977
0,86	0,744	0,849	0,933	0,984	-
Peso corporal aos 21 dias de idade					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,995	0,991
0,71	0,985	-	0,999	0,998	0,994
0,76	0,937	0,983	-	0,999	0,997
0,81	0,856	0,932	0,983	-	0,999
0,86	0,752	0,854	0,935	0,985	-
Peso corporal aos 28 dias de idade					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,999	0,996	0,99	0,981
0,71	0,999	-	0,999	0,995	0,988
0,76	0,996	0,999	-	0,999	0,994
0,81	0,991	0,996	0,999	-	0,998
0,86	0,985	0,992	0,996	0,999	-
Peso corporal aos 35 dias de idade					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,995	0,991
0,71	0,998	-	0,999	0,998	0,995
0,76	0,994	0,999	-	0,999	0,998
0,81	0,987	0,995	0,999	-	0,999
0,86	0,979	0,989	0,996	0,999	-

Tabela 7: Estimativas das correlações genéticas entre os pesos e rendimentos de carcaça e cortes nos diferentes níveis da relação treonina: lisina, para as linhagens LF1(acima da diagonal) e LF2 (abaixo da diagonal)

Peso pré-abate					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,996	0,993
0,71	0,99	-	1	0,998	0,996
0,76	0,951	0,985	-	1	0,998
0,81	0,870	0,833	0,98	-	1
0,86	0,746	0,833	0,916	0,977	-
Peso da carcaça					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,995	0,992
0,71	0,998	-	0,999	0,998	0,995
0,76	0,989	0,997	-	0,999	0,998
0,81	0,968	0,982	0,994	-	0,999
0,86	0,921	0,944	0,968	0,989	-
Rendimento da carcaça					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,999	0,997	0,987	0,958
0,71	0,986	-	0,999	0,992	0,967
0,76	0,956	0,991	-	0,997	0,979
0,81	0,920	0,972	0,995	-	0,991
0,86	0,884	0,949	0,983	0,997	-
Peso do peito					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,988	0,937	0,836	0,667
0,71	0,999	-	1	0,908	0,776
0,76	0,997	0,999	-	0,973	0,885
0,81	0,993	0,997	0,997	-	0,969
0,86	0,988	0,993	0,996	0,999	-
Rendimento do peito					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,997	0,988	0,973	0,952
0,71	0,984	-	0,997	0,988	0,973
0,76	0,958	0,994	-	0,997	0,988
0,81	0,936	0,984	0,997	-	0,997
0,86	0,917	0,974	0,993	0,999	-
Peso de coxa + sobrecoxa					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,994	0,987
0,71	0,975	-	0,999	0,997	0,991
0,76	0,905	0,977	-	0,999	0,995
0,81	0,808	0,918	0,982	-	0,998
0,86	0,703	0,843	0,938	0,987	-
Rendimento da coxa + sobrecoxa					
Níveis da relação treonina: lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,760	0,451	0,273	0,170
0,71	0,998	-	0,923	0,833	0,770
0,76	0,992	0,998	-	0,982	0,956
0,81	0,985	0,995	0,999	-	0,994
0,86	0,978	0,990	0,997	0,999	-

A correlação entre os coeficientes de regressão aleatória, o intercepto (b_0) e linear (b_1), da LF1 foi positiva para rendimento do peito e rendimento da coxa + sobrecoxa; e para a linhagem LF2 houve correlação positiva (entre b_0 e b_1) para peso aos 28 dias, peso aos 35 dias, rendimento da carcaça, rendimento do peito, peso e rendimento da coxa + sobrecoxa (Tabela 8). Todavia para a linhagem LF1 a correlação foi negativa para peso aos 14, 21, 28, 35 dias de idade, peso pré-abate, peso do peito, peso e rendimento da carcaça e peso de coxa + sobrecoxa.

Quanto maior a diferença da estimativa da correlação entre b_0 e b_1 em relação ao valor 1 maior será a possibilidade de reordenamento de valores genéticos nos diferentes ambientes (Su et al., 2006).

Tabela 8: Componentes de variância dos coeficientes de regressão aleatórios (b0 e b1) do efeito genético aditivo direto em função dos níveis da relação treonina: lisina da dieta e variâncias residuais estimados para as linhagens LF1 e LF2

LF1						
Característica ¹	$\sigma_{b_0b_1}$	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{e_1}^2$	$\sigma_{e_2}^2$	$r_{b_0b_1}$
P14	-6,764	105,517	6,167	46,526	39,432	-0,265
P21	-4,811	141,537	0,384	135,250	117,081	-0,653
P28	-4,811	283,219	1,804	147,539	171,640	-0,714
P35	-15,527	596,231	1,314	146,617	232,255	-0,555
PPA	-0,468	439,861	0,528	154,573	257,278	-0,031
Pcarc	-6,397	402,598	0,668	62,678	117,292	-0,390
Rcarc	-1,042	4,177	0,280	4,494	4,643	-0,964
Ppeito	-10,336	104,097	7,608	7,710	31,259	-0,367
Rpeito	0,016	2,043	0,017	3,123	3,108	0,089
Pcsc	-1,765	13,264	0,261	9,128	14,884	-0,949
Rcsc	0,307	0,726	0,198	1,350	1,350	0,811
LF2						
Característica ¹	$\sigma_{b_0b_1}$	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{e_1}^2$	$\sigma_{e_2}^2$	$r_{b_0b_1}$
P14	-0,435	111,462	5,449	30,104	33,127	-0,018
P21	-0,879	176,931	8,347	112,113	131,125	-0,023
P28	2,440	202,346	0,552	112,113	131,125	0,231
P35	14,847	269,995	1,773	333,974	345,953	0,679
PPA	-46,119	543,676	29,303	167,392	192,540	-0,365
Pcarc	-37,796	234,822	8,826	88,816	161,262	-0,830
Rcarc	0,527	3,824	0,143	3,515	6,170	0,713
Ppeito	-3,793	100,349	0,351	37,659	25,969	-0,639
Rpeito	0,274	1,120	0,078	4,734	2,968	0,927
Pcsc	1,238	17,751	1,093	6,445	11,051	0,281
Rcsc	0,138	1,200	0,020	0,681	1,415	0,893

¹P14 = peso aos 14 dias de idade; P21 = peso aos 21 dias de idade; P28 = peso aos 28 dias; p35 = peso aos 35 dias de idade; PPA = peso pré-abate; Pcarc = peso da carcaça; Rcarc = rendimento da carcaça; Ppeito = peso do peito; Rpeito = rendimento do peito; Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa; Rcsc = rendimento da coxa + sobrecoxa; $\sigma_{b_0b_1}$ = variância entre b0 e b1; $\sigma_{b_0}^2$ = variância de b0; $\sigma_{b_1}^2$ = Variância de b1; $\sigma_{e_1}^2$ = variância residual 1; $\sigma_{e_2}^2$ = variância residual 2; $r_{b_0b_1}$ = regressão entre b0 e b1

Houve modificações na classificação dos valores genéticos aditivos do peso corporal aos 14 dias em função dos níveis de treonina da dieta em ambas as linhagens (Figura 1). Para peso corporal aos 21 dias de idade (LF2), ocorreram poucas modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos. Foi observada leve redução de dispersão dos valores genéticos em função do nível da relação treonina: lisina para peso corporal aos 21 dias de idade na linhagem LF1. As codornas, aos 14 dias de idade, se mostraram mais sensíveis às variações ambientais e apresentaram maiores alterações na classificação dos valores genéticos.

Observa-se pequena redução na dispersão dos valores genéticos do peso corporal aos 28 dias na LF1; já para a mesma idade na LF2, não ocorreu alteração na dispersão. Para peso corporal aos 35 dias na LF2, ocorreu pequeno aumento na dispersão dos valores genéticos e na LF1, para a mesma idade não foram observadas modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos (Figura 1).

Na Figura 2, não foram observadas modificações dos valores genéticos aditivos do peso pré-abate e peso da carcaça na linhagem LF1; não houve alteração na dispersão dos valores genéticos do peso pré-abate na linhagem LF2, mas houve alteração de posição entre os valores genéticos das codornas o que também caracteriza Interação Genótipo x Ambiente. Para peso da carcaça (LF2) e rendimento da carcaça (LF1) houve redução na dispersão dos valores genéticos e para rendimento da carcaça (LF2) houve aumento na dispersão dos valores genéticos. Esse comportamento em ambas as linhagens, indica sensibilidades de valores genéticos aditivos à mudança ambiental, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente.

Observa-se leve redução na dispersão dos valores genéticos (Figura 3) em função do nível de treonina: lisina na dieta para peso do peito (LF2) e alteração na dispersão dos valores genéticos (LF1). Observa-se aumento na dispersão dos valores genéticos para rendimento do peito (LF2); para rendimento do peito (LF1) não foi observada variação na dispersão dos valores genéticos.

Na Figura 3, houve redução dos valores genéticos do peso da coxa + sobrecoxa da linhagem LF1 e alteração da dispersão dos valores genéticos na linhagem LF2, o que caracteriza a interação Genótipo x Ambiente. Para rendimento da coxa + sobrecoxa nas duas linhagens, ocorreu aumento da dispersão dos valores genéticos com o aumento do nível de treonina, sendo que na LF1 o aumento foi mais intenso que na LF2. Esse comportamento indica sensibilidades de valores genéticos aditivos à mudança do gradiente ambiental, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente. Os resultados sugerem que a interação genótipo x ambiente interfere na expressão fenotípica de ambas as linhagens, seja pelo aumento ou redução da dispersão dos valores genéticos ou pela alteração da classificação dos genótipos selecionados.

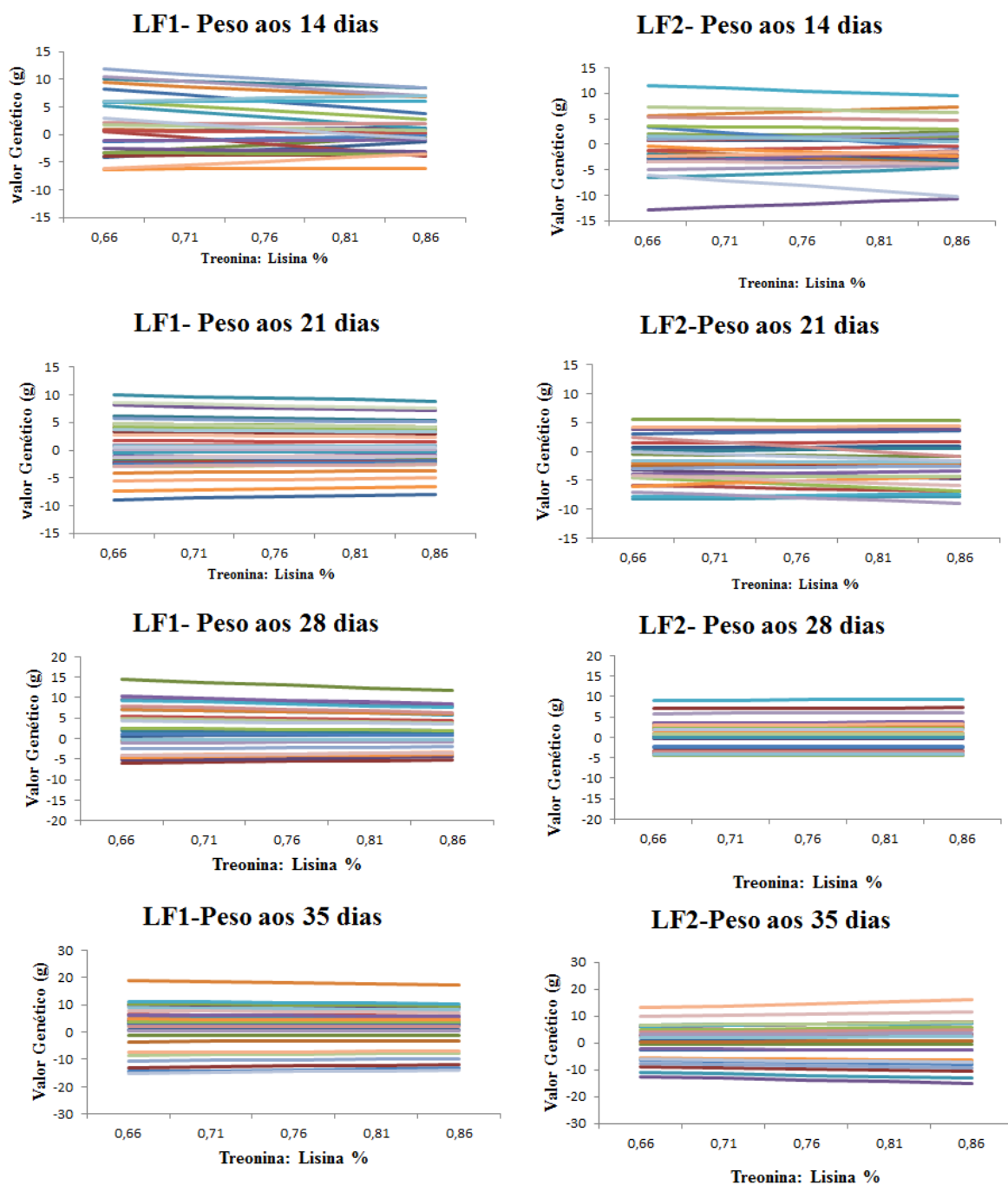


Figura 1: Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para peso corporal aos 14, 21, 28 e 35 dias de idade das linhagens LF1 e LF2.

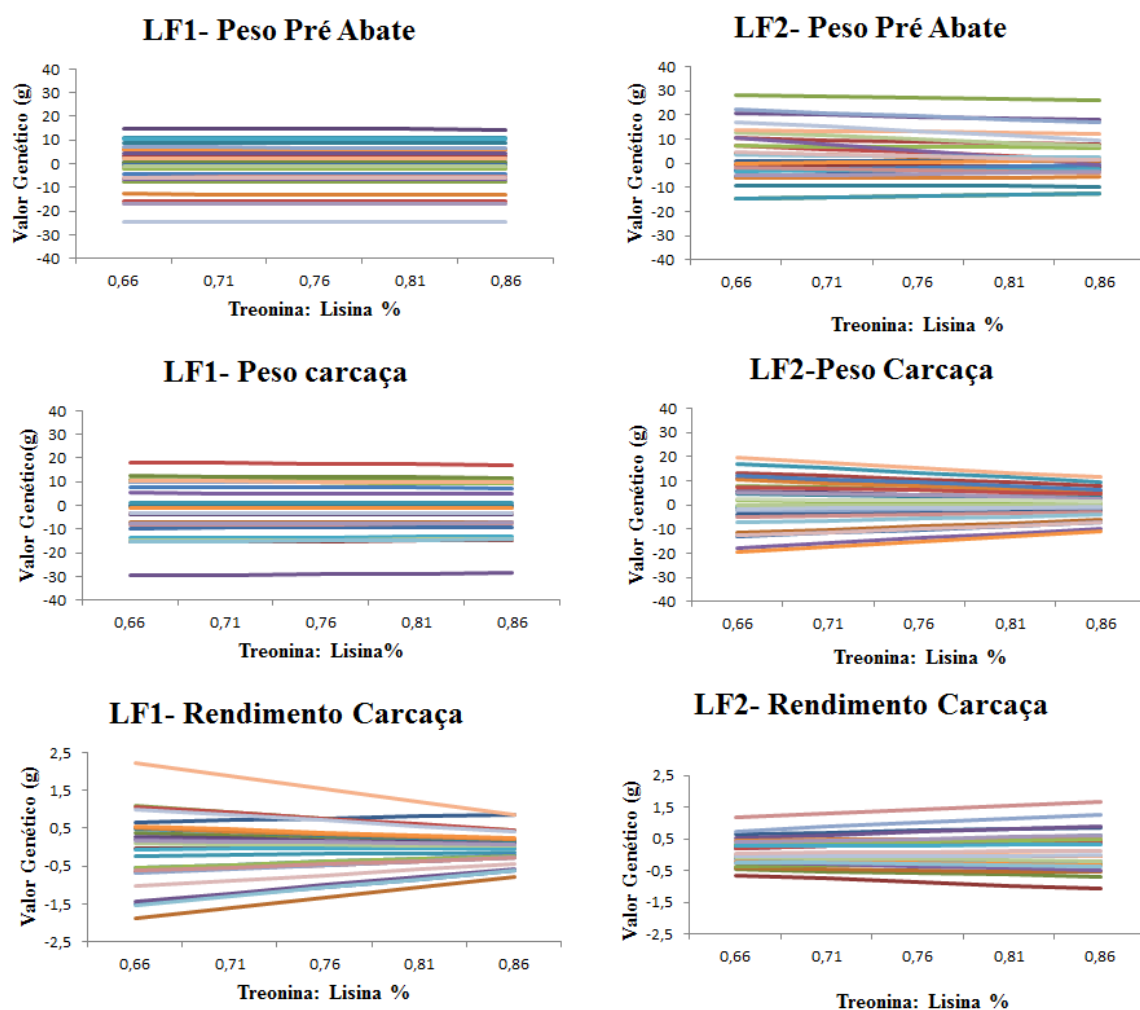


Figura 2: Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para peso pré-abate, pesos e rendimentos de carcaça das linhagens LF1 e LF2.

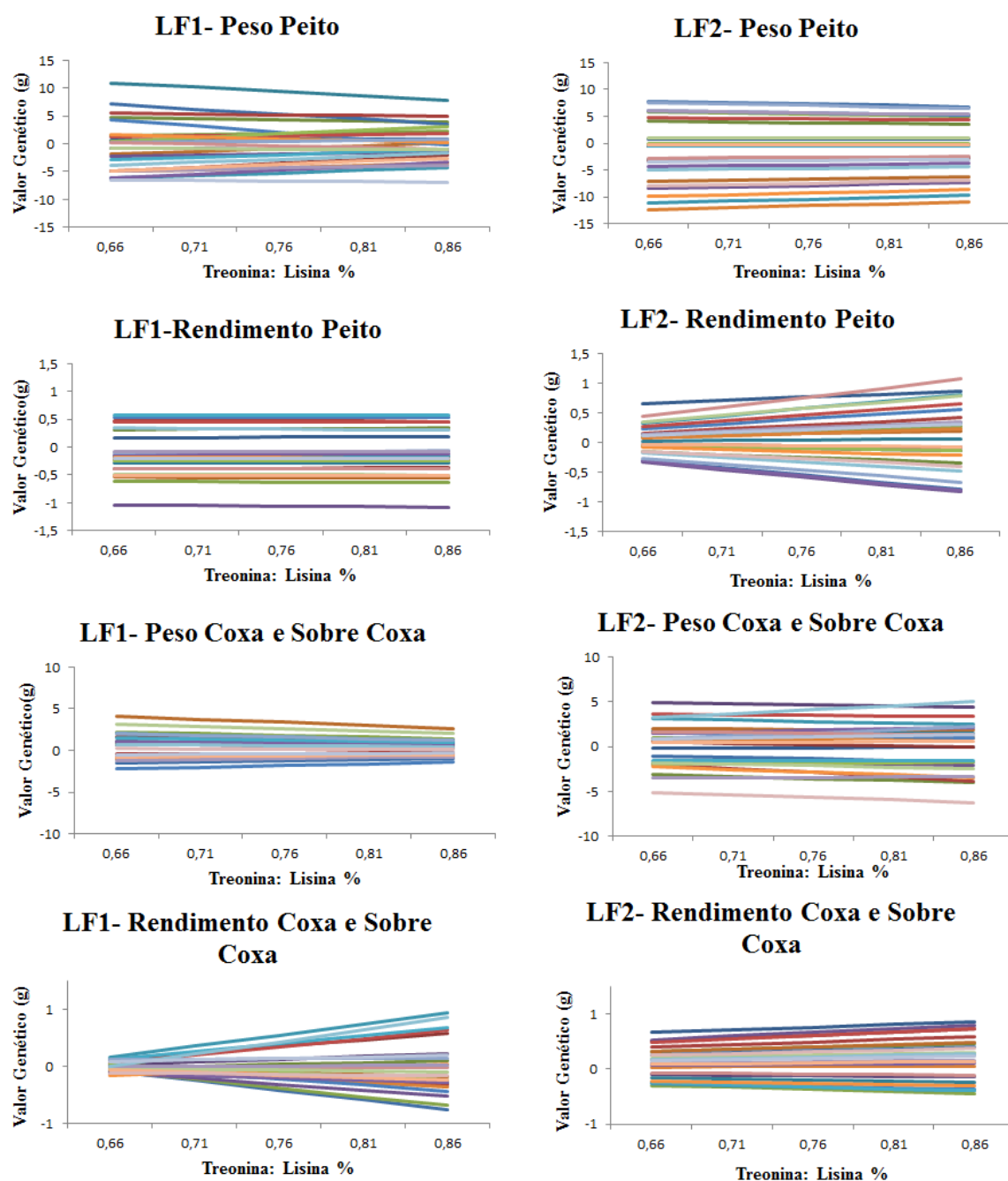


Figura 3: Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para pesos e rendimentos do peito e da coxa + sobrecoxa das linhagens LF1 e LF2.

As herdabilidades estimadas das características avaliadas na LF1 (Tabela 9) apresentaram maiores valores para o menor nível de treonina (0,66), exceto para peso corporal aos 21 dias de idade, no qual a herdabilidade foi maior para o nível de 0,71 de treonina, o que indica que ocorre crescimento da porção da variância fenotípica que é atribuída à variância genética aditiva direta em idades menores, concordando com Santos et al. (2008) e Bonafé et al. (2011).

À semelhança do que ocorreu na linhagem LF1, as herdabilidades das características da linhagem LF2 foram, de maneira geral, maiores para o nível da relação treonina: lisina 0,66, com exceção do peso aos 35 dias de idade, no qual a herdabilidade foi maior para o nível de 0,86 de treonina. Esse comportamento indica que a seleção seria mais eficiente em níveis de treonina menores como demonstrados por Santos et al. (2008), ao estudarem diferentes níveis de proteína bruta na dieta de codornas de corte. As herdabilidades das características na linhagem LF1 (Tabela 10) para o nível de 0,66 de treonina foram maiores, exceto para as características de rendimento do peito e coxa + sobrecoxa, para as quais as herdabilidades foram maiores para o nível de 0,86 de treonina: lisina.

Na linhagem LF2 observam-se maiores herdabilidades na relação treonina: lisina de 0,66, exceto para as características de rendimento da carcaça, peso do peito, rendimento do peito e rendimento da coxa + sobrecoxa.

A maioria das características apresentou maiores estimativas de herdabilidades para a relação 0,66 da treonina: lisina.

Tabela 9: Estimativas de herdabilidade (h^2) e variância genética (σ_A^2) para as pesos corporais de codornas de corte das linhagens LF1 e LF2, segundo as relações (treonina:lisina) da dieta

Linhagem	Característica ¹	Relação treonina: lisina						
		0,66	0,71	0,76	0,81	0,86		
LF1	P14	h^2	0,613	0,607	0,572	0,555	0,561	
		σ_A^2	73,724	60,929	52,758	49,213	50,293	
	P21	h^2	0,371	0,391	0,377	0,363	0,350	
		σ_A^2	79,677	75,079	70,769	66,746	63,012	
	P28	h^2	0,539	0,477	0,452	0,428	0,404	
		σ_A^2	172,257	156,256	141,609	128,315	116,374	
	P35	h^2	0,690	0,573	0,562	0,551	0,540	
		σ_A^2	326,979	312,055	298,115	285,161	273,193	
	LF2	P14	h^2	0,682	0,637	0,627	0,634	0,656
			σ_A^2	64,651	58,150	55,731	57,396	63,143
P21		h^2	0,478	0,413	0,403	0,409	0,431	
		σ_A^2	102,508	92,357	88,465	90,834	99,463	
P28		h^2	0,315	0,284	0,288	0,293	0,298	
		σ_A^2	97,774	99,267	101,173	103,493	106,228	
P35		h^2	0,251	0,262	0,281	0,300	0,321	
		σ_A^2	111,941	122,804	134,997	148,520	163,372	

¹P14 = peso aos 14 dias de idade, P21 = peso aos 21 dias de idade, P28 = peso aos 28 dias de idade, P35 = peso aos 35 dias de idade.

Tabela 10. Estimativas de herdabilidade (h^2) e variância genética (σ_A^2) para peso pré-abate e características de carcaça de codornas de corte das linhagens LF1 e LF2, segundo as relações (treonina:lisina) da dieta

Linhagem	Característica ¹		Relação treonina: lisina				
			0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
LF1	PABATE	h^2	0,589	0,462	0,461	0,461	0,461
		σ_A^2	221,532	220,534	219,931	219,723	219,912
	PCARC	h^2	0,773	0,638	0,632	0,626	0,620
		σ_A^2	213,381	207,090	201,299	196,010	191,221
	RCARC	h^2	0,490	0,400	0,310	0,218	0,132
		σ_A^2	4,312	3,095	2,088	1,291	0,704
	PPEITO	h^2	0,913	0,671	0,625	0,595	0,593
		σ_A^2	81,363	63,853	52,049	45,950	45,559
	RPEITO	h^2	0,246	0,246	0,247	0,251	0,257
		σ_A^2	1,018	1,014	1,022	1,042	1,075
	PCSC	h^2	0,525	0,357	0,308	0,259	0,210
		σ_A^2	10,080	8,258	6,632	5,201	3,966
	RCSC	h^2	0,086	0,112	0,212	0,342	0,469
		σ_A^2	0,127	0,171	0,363	0,703	1,191
LF2	PABATE	h^2	0,703	0,626	0,585	0,558	0,551
		σ_A^2	395,673	322,767	271,838	242,887	235,913
	PCARC	h^2	0,688	0,488	0,421	0,353	0,288
		σ_A^2	196,114	153,453	117,411	87,989	65,186
	RCARC	h^2	0,257	0,196	0,237	0,282	0,330
		σ_A^2	1,213	1,509	1,912	2,422	3,040
	PPEITO	h^2	0,603	0,674	0,659	0,644	0,630
		σ_A^2	57,271	53,591	50,175	47,022	44,132
	RPEITO	h^2	0,041	0,106	0,158	0,218	0,279
		σ_A^2	0,201	0,351	0,559	0,826	1,151
	PCSC	h^2	0,565	0,426	0,445	0,484	0,534
		σ_A^2	8,372	8,214	8,875	10,357	12,659
	RCSC	h^2	0,364	0,256	0,297	0,339	0,380
		σ_A^2	0,389	0,486	0,598	0,725	0,866

¹PABATE = peso pré- abate; PCARC = peso da carcaça; RCARC = rendimento da carcaça; PPEITO = peso do peito; RPEITO = rendimento do peito; PCSC = peso da coxa+sobrecoxa; RCSC = rendimento da coxa+sobrecoxa.

Foram observadas mudanças nos valores de variância e covariância do efeito genético aditivo na maioria das combinações estudadas das relações treonina: lisina das dietas, o que mostra a importância das funções de covariância para este tipo de estudo.

Na figura 4, pode ser observada que as estruturas de covariância genéticas não obtiveram intensas modificações para peso aos 14 e 35 dias na linhagem LF2, peso aos 21 dias em ambas as linhagens e peso aos 28 dias na linhagem LF1; Para peso aos 14 e 35 dias na linhagem LF1, observa-se aumento da inclinação em direção aos menores valores da

relação treonina: lisina (0,66). Para peso aos 28 dias na linhagem LF2, houve maior inclinação da covariância genética para a maior relação treonina: lisina estudada (0,86).

Na Figura 5, não se observa intensa inclinação em direção aos maiores valores de x e y para peso pré - abate e peso da carcaça na linhagem LF1. Observa-se maior inclinação em direção as menores relações de treonina: lisina para rendimento da carcaça (LF1), peso pré- abate e peso da carcaça na linhagem LF2 e maior inclinação em direção as maiores relações de treonina: lisina para rendimento da carcaça na linhagem LF2.

As estruturas de covariância genéticas não apresentaram intensas modificações para rendimento do peito na linhagem LF1 e peso do peito na linhagem LF2. Observa-se aumento da inclinação das estruturas de covariância genética em direção aos menores valores da relação treonina: lisina para peso do peito e peso da coxa + sobrecoxa para a linhagem LF1. Todavia ocorre aumento dos valores de covariância para rendimento do peito, peso da coxa e sobre coxa, rendimento da coxa + sobrecoxa para a linhagem LF2 e rendimento da coxa e sobre coxa para a linhagem LF1 (Figura 6).

Resultado semelhante foi observado por Santos et al. (2008), ao avaliarem estruturas de covariância genética aditiva em relação a diferentes níveis de proteína bruta em dietas de codornas de corte, que para as estruturas de covariância estimadas, os valores de variância e covariância não apresentam intensas modificações quando estimados para diferentes idades ou combinações de idades dentro do intervalo de 21 a 42 dias de idade com diferentes níveis de proteína na dieta de codornas de corte.

Bonafé et al. (2011), ao avaliarem estruturas de covariância genéticas aditivas diretas em relação a diferentes níveis de proteína bruta na dieta, não observaram intensa inclinação em direção aos maiores valores dos eixos x e y, mas indicaram maiores valores de covariância

para os maiores níveis de proteína estudados, indicando presença de maior variação nos níveis de PB mais altos dentre os utilizados.

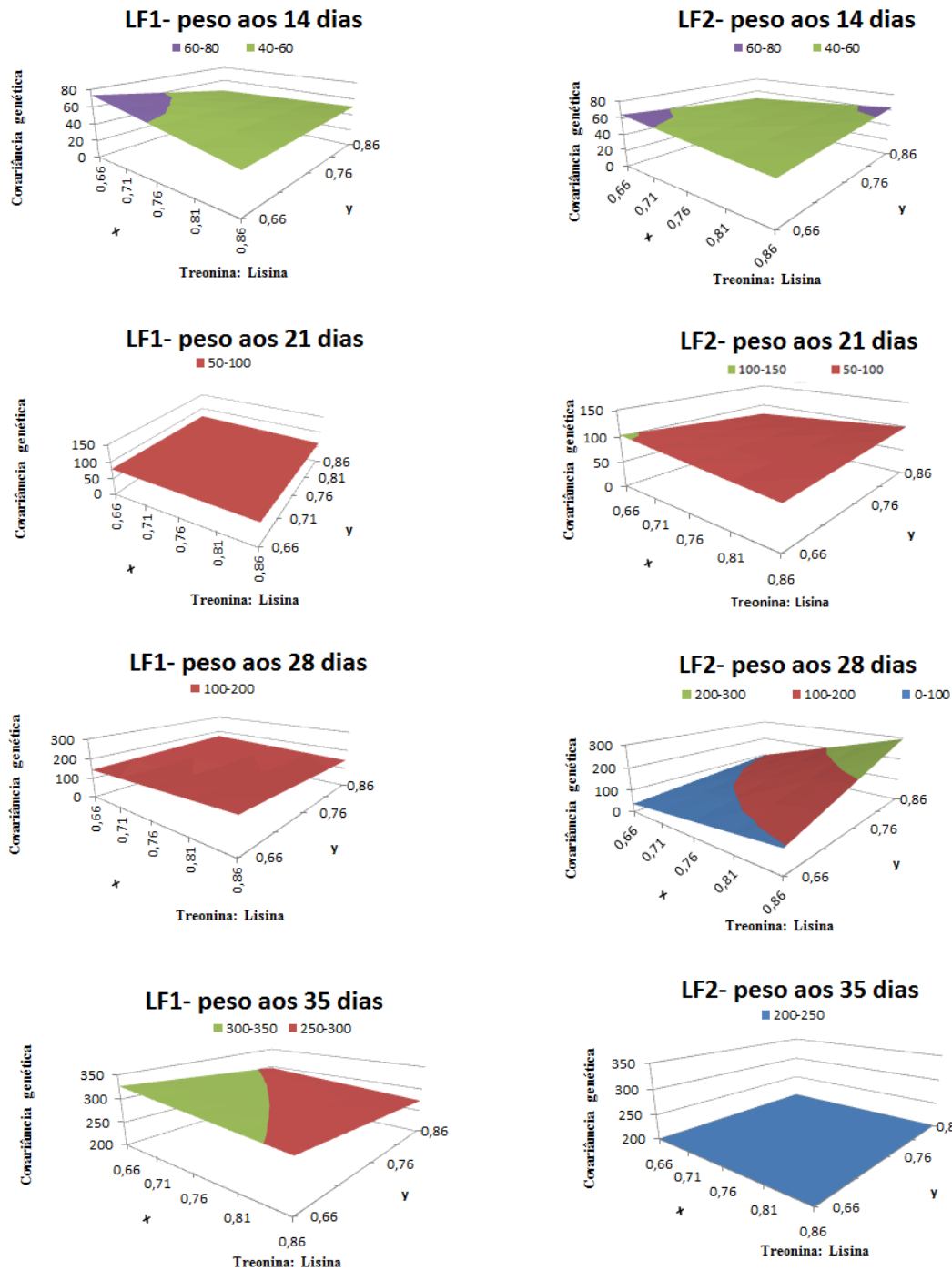


Figura 4: Estrutura de covariância do efeito genético aditivo direto, em função do nível de treonina estimadas para pesos aos 14, 21, 28 e 35 dias de idade, para as linhagens LF1 e LF2.

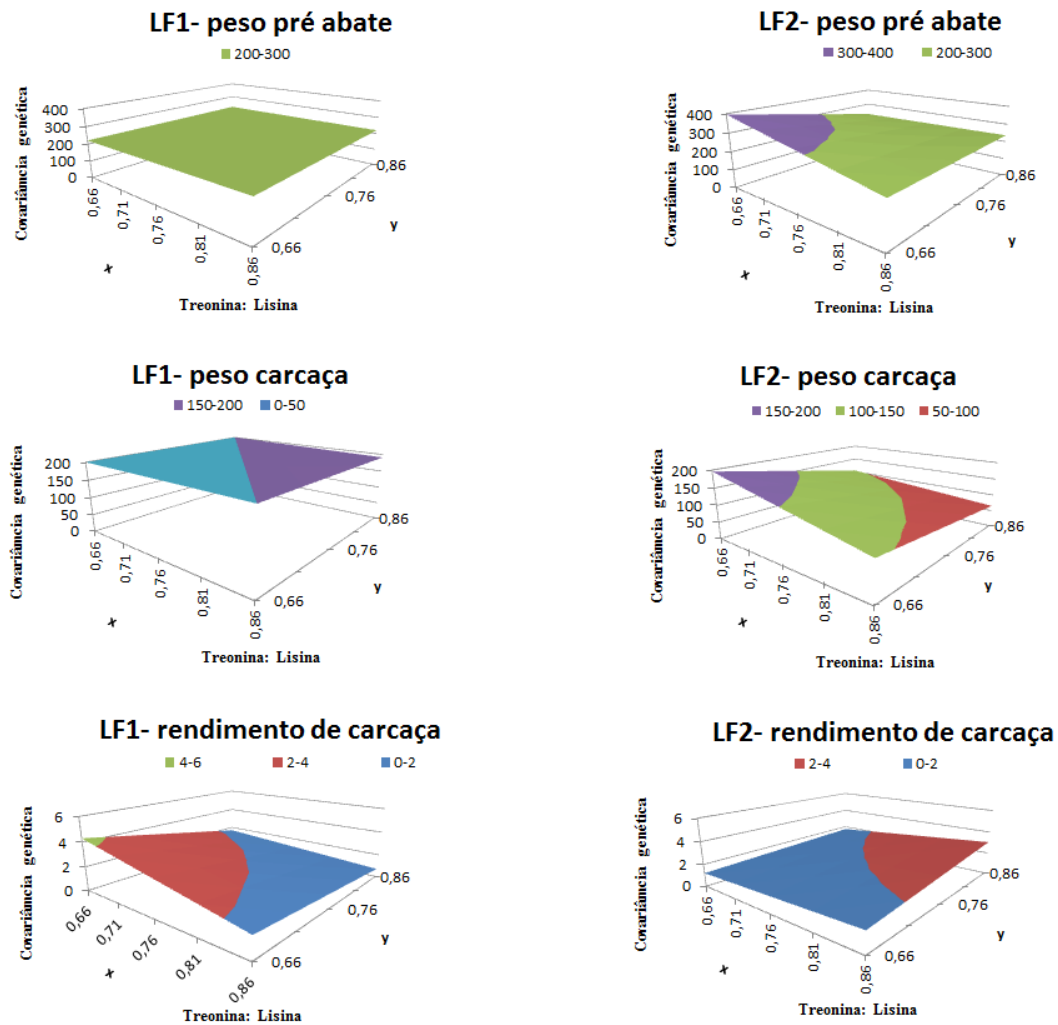


Figura 5: Estrutura de covariância do efeito genético aditivo direto, em função do nível de treonina estimadas para peso pré-abate e pesos e rendimentos de carcaça para as linhagens LF1 e LF2.

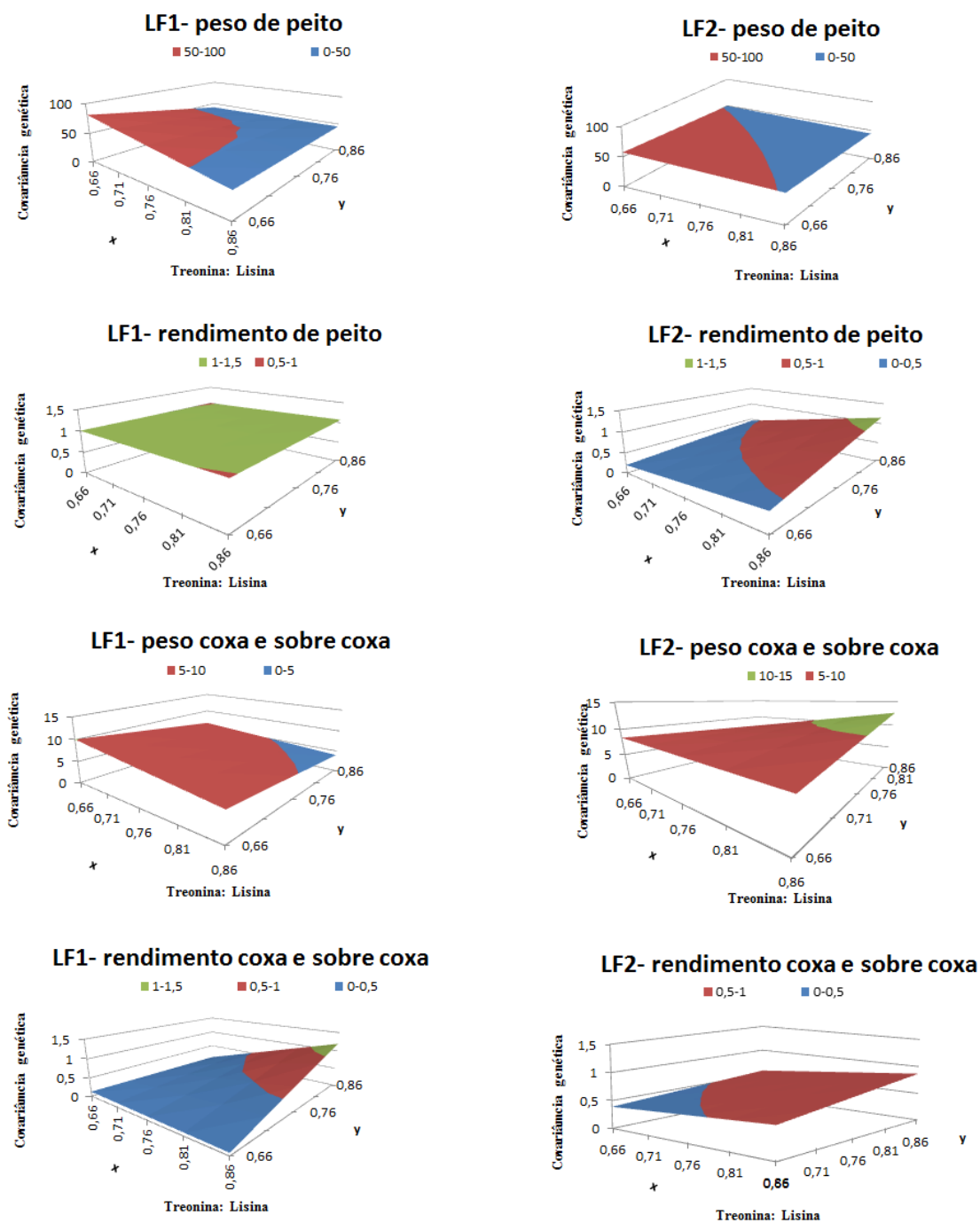


Figura 6: Estrutura de covariância do efeito genético aditivo direto, em função da relação treonina: lisina estimadas para pesos e rendimentos de peito e sobrecoxa para as linhagens LF1 e LF2.

CONCLUSÃO

Modelos de regressão aleatória que consideram heterogeneidade de variância residual são melhores do que os que consideram a variância residual homogênea no estudo da sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte alimentadas com dieta contendo diferentes níveis da relação treonina: lisina.

Verificou-se a existência da interação genótipo x ambiente para as duas linhagens de codornas de corte estudadas, seja por reordenamento ou alteração na dispersão da variância dos valores genéticos.

A predição dos valores genéticos deve ser feita com o mesmo nível da relação treonina: lisina da dieta que as codornas serão alimentadas no sistema de produção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AKBAS, Y.; TAKMA, C.; YAYLAK, E. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. **South African Journal Animal Science.**, v.34, n.2, p.104-109, 2004
- BONAFÉ, C. M.; TORRES, R. A. T.; SARMENTO, J. L. R. S. et al. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.4, p.765-771, 2011.
- BRASIL. Ministério da Agricultura. Regulamento da inspeção industrial e sanitária de produtos de origem animal - RIISPOA. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 02 de setembro de 2015.
- BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Multimo del inference: understanding AIC and BIC in model selection. **Sociological Methods and Researchers**, v.33, n.2, p.261-304, 2004.
- CAVALCANTE-NETO, A.; THOLON, P. LUI, J.F. et al. Modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual para descrever o tamanho da leitegada. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.4, p.1043- 1050, 2011.
- DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. **American Naturalist**, v.145, n.4, p.493-512, 1995.
- DIONELLO, N. J. L.; CORREA, G. S. S.; SILVA, M. A. et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.2, p.454-460, 2008.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman. 1996.
- FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R.; VALENTE, B.D. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.4, p.0102-0935, 2012.
- GONÇALVES, F. M., PIRES, A.V., PEREIRA, I. G., et al. Genetic Evaluation of European quails by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, n.9, p.2005-2011, 2012.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.6, p.1217-1226, 1997.
- KIRKPATRICK, M., D. Lofsvold, et al. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993. 1990.
- MERCADANTE, M. E. Z.; PACKER, I. U.; RAZOOK, A. G. et al.. Dias ao parto de fêmea Nelore de um experimento de seleção para o crescimento. II- Modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1726-1733, 2002.

MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. (CD-ROM).

NOGUEIRA, E. Nutrição de Aminoácidos para Frangos de Corte. V Seminário Internacional de Aves e Suínos – AveSui 2006/ Avicultura, 25, 26, 27 de abril de 2006 - Florianópolis – SC.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.

RODRIGUES, D.T. **Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação**. 2012. 86 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria). Universidade Federal de Viçosa. 2012.

ROSTAGNO, H.S. ALBINO, L.F.T.; DOZNELE, J.L. et al. **Tabelas brasileiras para suínos e aves: Composição de alimentos e exigências nutricionais**. 2.ed. Viçosa : Universidade Federal de Viçosa, 2005.186p.

RUNHO, R.C.; GOMES, P.C.; ROSTAGNO, H.S. et al. Exigência de fósforo disponível para frangos de corte machos e fêmeas de 1 a 21 dias de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**. [online]. 2001, v.30, n.1, p. 187-196, 2001

SANTOS, G.G.; CORRÊA, G.S.S.; VALENTE, B.D. et al. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SARMENTO, J.L.R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. Viçosa; UFV, 2007. 101p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa. 2007.

SARMENTO, J. L. R.; ALBUQUERQUE, L.G.; TORRES, R.A. et al. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p. 1788-1796, 2008.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a models. **The Annals of Statistics**, v.6, n.2, 1978, p.461-464.

SILVA, J.H.V., COSTA, F.G.P. Tabela para codornas japonesas e européias. 2ª ed., Ed. FUNEP, Jaboticabal, SP, 110p, 2009.

SILVA, M. A.; THIÉBAUT, J. T. L.; VALENTE, B. D. et al. **Modelos Lineares Aplicados ao Melhoramento Genético**. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora. 2008. 375p.

SU, G.; MADSEN P.; LUND M. S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**., v.84, n.7, p.1651-1657, 2006.

WINTER, E.M.W.; ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G. et al. Aplicação do método Bayesiano na estimação de correlações genéticas e fenotípicas de peso em codornas de corte em várias idades. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1684-1690, 2006 (supl.).

WOLFINGER, R. 1993. Covariance structures selection in general mixed models. **Communications in Statistics, Simulation and Computing**, v.22, n.04, p.1079-1106, 1993.

CAPÍTULO 2

ESTIMAÇÃO DE VALORES GENÉTICOS DE PESOS CORPORAIS E CARACTERÍSTICAS DE CAECAÇA DE CODORNAS DE CORTE EM FUNÇÃO DE NÍVEIS DA RELAÇÃO TREONINA: LISINA NA DIETA: VINTE E DOIS A TRINTA E CINCO DIAS DE IDADE

RESUMO

Objetivou-se com este trabalho investigar a presença de interação genótipo x níveis da relação treonina: lisina das dietas, nos pesos e características de carcaças de codornas europeias no período de 22 a 35 dias de idade, por meio de Modelos de Regressão Aleatória com diferentes classes de variância residual. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de 894 codornas de corte da linhagem LF1 e 932 da linhagem LF2, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal de dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. Foram avaliados os pesos corporais aos 28 e 35 dias de idade de codornas alimentadas com dietas contendo as relações 0,71, 0,76, 0,81, 0,86 e 0,91 da relação treonina: lisina. Foram avaliados os pesos pré-abate e os pesos e rendimentos da carcaça, peito, coxa + sobrecoxa. As sensibilidades dos valores genéticos às mudanças nos níveis da relação treonina: lisina (interação genótipo x ambiente) foram obtidas por Modelos de Regressão Aleatória (utilizando Normas de Reação) por meio do programa WOMBAT que utiliza o princípio da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). O modelo de regressão aleatória que considerou duas classes de variância residual a foi o mais indicado para a maioria das análises realizadas. Verificaram-se alterações na classificação dos valores genéticos para as duas linhagens de codornas de corte estudadas. Isto implica que codornas selecionadas em determinado nível da relação treonina: lisina podem não expressar todo seu potencial genético quando alimentadas com dietas contendo a relação treonina: lisina diferente. Esse comportamento indica diferentes sensibilidades dos valores genéticos aditivos às mudanças ambientais, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente. As estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações foram influenciadas pela alteração nos níveis de treonina na dieta. A predição dos valores genéticos deve ser feita com o mesmo nível da relação treonina: lisina da dieta que as codornas serão alimentadas no sistema de produção.

Palavras chave: avaliação genética. *Coturnix coturnix*. interação genótipo X ambiente

ABSTRACT

ESTIMATION BREEDING VALUES OF BODY WEIGHT AND CARCASS TRAITS OF EUROPEAN QUAILS IN FUNCTION OF THREONINE: LYSINE RATIOS OF DIETS: FROM 22 TO 35 DAYS OF AGE

This research aimed to evaluate the genotype by threonine: lysine ratio interaction for body weight and carcass traits of European quails from 22 to 35 days of age using Random Regression Models and considering different classes of residual variance.. Records are from 894 quails of LF1 line and 932 of LF2 line of the Breeding Improvement Program of *Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri*. Body weights were evaluated at 28 and 35 days of age for quails fed 0.71, 0.76, 0.81, 0.86 and 0.91 threonine: lysine ratio diets. Live body weight and weights and yields of breast, thigh and drumstick were measured. The sensitivity of breeding values to changes in the levels threonine: lysine ratios (genotype X environment interaction) were obtained by Random Regression Model (Reaction Norms) by WOMBAT program using the Restricted Maximum Likelihood (REML) principle. The Random Regression Model considering two classes of residual variances showed higher goodness of fit for most of the analyses. The Reaction Norm analyses results indicated changes in the ranking of breeding values in both lines (LF1 and LF2). This implies that quails selected in one level of threonine: lysine ratio of diet will not express all their genetic potential when fed diets with different level of threonine: lysine ratio. This behavior indicates different sensibilities of additive breeding values to environmental changes, which characterizes genotype x environment interaction. The estimates of genetic variances, heritability and genetic correlations were affected by change in the levels of threonine: lysine ratio of diet. The prediction of breeding values should be made using the same level of threonine: lysine ratio the quails will be fed in the production system

Keywords: genetic evaluation, *Coturnix coturnix*, genotype x environment

INTRODUÇÃO

A produção de carne é altamente influenciada pelo potencial genético das aves e pelo ambiente onde são criadas. Além do fator ambiental (nutrição, temperatura, umidade, estresse, densidade, entre outros), a genética é fator importante para expressão das características produtivas das codornas (Corrêa et al., 2007). Muitas vezes, a Interação Genótipo x Ambiente (IGA) é responsável por mudança na resposta de diferentes genótipos às variações ambientais, incluindo alterações na ordem de classificação dos valores genéticos de acordo com o ambiente no qual os animais são criados (Falconer & Mackay, 1996).

Segundo Cardoso et al. (2005), do ponto de vista da seleção, animais identificados como melhoradores em determinado ambiente podem não apresentar melhor desempenho, se transferidos para ambiente diferente ou se sua progênie for criada em condições diferenciadas do ambiente no qual esses animais foram selecionados.

A disponibilidade comercial de aminoácidos sintéticos como a L-treonina, com preços acessíveis, tem possibilitado a redução dos níveis de proteína bruta na dieta, com menores custos das dietas, trazendo benefícios econômicos e ambientais para a atividade avícola (Kidd e Kerr, 1996).

A IGA pode provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais e, conseqüentemente, resultar em alterações nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente de criação (Alencar et al., 2005).

Nesse contexto,

Os modelos de regressão aleatória e as funções de covariância podem expressar, de maneira mais real, os fenômenos associados a dados longitudinais (por exemplo, curvas de crescimento através do tempo ou medições repetidas) (De Jong, 1995). Meyer (1998) relata que estes modelos deverão sobressair aos modelos menos realísticos até então utilizados. Os modelos de regressão aleatória permitem considerar que o caráter em questão pode mudar de forma contínua e gradual através do tempo (Kirkpatrick et al., 1994).

Os primeiros estudos que utilizavam os modelos de regressão aleatória (Jamrozik & Schaeffer, 1997) consideravam a estrutura homogênea de variâncias para o resíduo que, aliada a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, superestimavam as variâncias genéticas aditivas. A modelagem, ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. No entanto, pode levar ao aumento no número de

parâmetros a serem estimados, o que prejudica a convergência na estimação dos componentes de variância (Lewis & Brotherstone, 2002; El Faro & Albuquerque, 2003; Fujii & Suzuki, 2006).

Objetivou-se com este estudo investigar a presença de interação genótipo x nível da relação treonina: lisina para pesos corporais e características de carcaças de codornas europeias no período de 22 a 35 dias de idade, usando Regressão Aleatória e considerando diferentes classes de variância ambiental

MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada com autorização da Comissão de Ética no Uso de Animais da UFVJM, protocolo número 027/2014.

O experimento foi desenvolvido no Setor de Avicultura, do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, localizada em Diamantina-MG.

Foram utilizadas duas linhagens (LF1 e LF2) de codornas europeias (*Coturnix coturnix*) do Programa de Melhoramento de Aves da UFVJM, sendo 894 aves da LF1 e 932 da LF2.

As codornas foram criadas no galpão de codornas do Departamento de Zootecnia da UFVJM em boxes de alvenaria telados, forrados com cama de maravalha em condições de produção comercial, equipado com campânulas de aquecimento, bebedouro copo tipo pressão e comedouro tipo bandeja, com água e alimentação à vontade durante 35 dias.

Do nascimento aos 21 dias de idade as codornas receberam dieta única (Tabela 1) e de 22 a 35 dias de idade, as codornas receberam dietas experimentais (os cinco níveis da relação treonina: lisina - Tabela 2). As aves foram abatidas aos 35 dias de idade para a avaliação das características de carcaça. As dietas foram fornecidas à vontade. A limpeza dos bebedouros foi realizada diariamente.

As codornas animais foram alojadas do nascimento aos 14 dias de idade, em 5 boxes de 5m² cada, com 280 aves por boxe (densidade de 178 cm² por ave). De 14 a 35 dias de idade, as codornas foram redistribuídas em 10 boxes, com aproximadamente 140 aves por boxe (densidade de 357 cm² por ave).

Todas as aves foram pesadas aos 28 e 35 dias de idade.

O programa de luz adotado foi contínuo (24 horas de luz artificial) de 1 a 21 dias de idade, sendo utilizadas lâmpadas infravermelho de 250 watts; de 22 a 35 dias de idade foi fornecida apenas a luz natural; O monitoramento da temperatura foi feito com auxílio de termômetros digitais instalados nos boxes e com base no comportamento das aves dentro das unidades experimentais.

As dietas fornecidas para as aves (Tabelas 1) foram balanceadas com base no conteúdo aminoacídico digestível dos alimentos apresentados em Rostagno et al.(2011), e segundo as exigências nutricionais recomendadas por Silva e Costa (2009). A fim de assegurar que nenhum aminoácido ficasse deficiente na dieta, foram acrescentados 3% nas exigências de cada aminoácido, exceto lisina digestível e treonina digestível.

Foi utilizado 1,07 % de treonina na dieta de 1 a 21 dias devido ter sido a porcentagem presente no melhor tratamento da fase inicial de criação.

Tabela 1: Composição e valor nutricional das dietas experimentais, na matéria natural, para codornas de corte de 1 a 21 dias de idade

Ingredientes	%
Milho Moído	48,96
Farelo de Soja (45%)	44,82
Óleo de soja	1,61
Calcário	1,20
Fosfato Bicálcico	1,10
Sal Comum	0,38
Mistura Mineral ¹	0,20
Mistura Vitaminica ²	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01
Antioxidante ³	0,01
Coccidiostático ⁴	0,05
DL- Metionina	0,37
L- Treonina	0,25
L- Isoleucina	0,09
L- Arginina	0,20
L-Glutâmico	0,05
Amido	0,50
Total	100,00
Proteína Bruta (%)	24,57
Cálcio (%)	0,85
Fósforo disponível (%)	0,32
Sódio (%)	0,17
Fibra bruta (%)	3,27
Aminoácidos digestíveis (%)	
Lisina	1,25
Metionina +Cistina	1,02
Triptofano	0,28
Treonina	1,07
Arginina	1,80
Isoleucina	1,07
Valina	1,04

¹ Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

²Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁ :2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆:5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

³Butil-hidróxi-tolueno.

⁴Salinomicina 12%

Dos 22 aos 35 dias de idade, as codornas foram alimentadas com dieta à base de milho e farelo de soja, contendo 24,54% de proteína bruta com cinco relações de treonina: lisina (0,71; 0,76; 0,81; 0,86; 0,91) que corresponderam aos tratamentos experimentais (Tabela 2).

Tabela 2. Composição e valor nutricional das dietas experimentais, na matéria natural, para codornas de corte das linhagens LF1 e LF2 dos 22 aos 35 dias de idade

Ingredientes	Relações treonina:lisina				
	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
	Composição (%)				
Milho Moído	48,91	48,91	48,91	48,91	48,91
Farelo de Soja (45%)	44,82	44,82	44,82	44,82	44,82
Óleo de soja	1,61	1,61	1,61	1,61	1,61
Calcário	1,20	1,20	1,20	1,20	1,20
Fosfato Bicálcico	1,10	1,10	1,10	1,10	1,10
Sal Comum	0,38	0,38	0,38	0,38	0,38
Mistura Mineral ¹	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Mistura Vitaminica ²	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Antioxidante ³	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Coccidiostático ⁴	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
DL- Metionina	0,37	0,37	0,37	0,37	0,37
L- Treonina	0,05	0,12	0,19	0,25	0,31
L- Isoleucina	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09
L- Arginina	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
L-Glutâmico	0,35	0,28	0,21	0,15	0,03
Amido	0,45	0,45	0,45	0,45	0,51
Total	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
Proteína Bruta (%)	24,54	24,54	24,54	24,54	24,54
Cálcio (%)	0,85	0,85	0,85	0,85	0,85
Fósforo disponível (%)	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32
Sódio (%)	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17
Fibra bruta (%)	3,27	3,27	3,27	3,27	3,27
Aminoácidos digestíveis (%)					
Lisina	1,25	1,25	1,25	1,25	1,25
Metionina +Cistina	1,02	1,02	1,02	1,02	1,02
Triptofano	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28
Treonina	0,89	0,95	1,01	1,07	1,13
Arginina	1,80	1,80	1,80	1,80	1,80
Isoleucina	1,07	1,07	1,07	1,07	1,07
Valina	1,04	1,04	1,04	1,04	1,04

¹ Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

² Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁ :2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆:5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

³ Butil-hidróxi-tolueno.

⁴ Salinomicina 12%

Na modelagem da variância residual, foram consideradas classes de acordo com os níveis da relação treonina: lisina da dieta. Variância residual homogênea: CL1 (uma classe): considerando o intervalo total de 0,71 a 0,91 da relação treonina: lisina na dieta. Para

as variâncias residuais heterogêneas foram considerados os intervalos: CL2 (duas classes): 0,71 a 0,75 e 0,76 a 0,91; CL3 (três classes): 0,71 a 0,75, 0,76 a 0,80 e 0,81 a 0,91; CL4 (quatro classes): 0,71 a 0,75, 0,76 a 0,80, 0,81 a 0,85 e 0,86 a 0,91, com o total de quatro diferentes modelos para serem utilizados nas análises dos dados.

O modelo de norma de reação para análise dos é representado por:

$$y_{hij} = \sum_{k=0}^1 b_{jk} x_k(i) + \sum_{k=0}^1 a_{hk} x_k(i) + e_{hij}$$

Em que:

y_{hij} é a observação do animal h , do sexo j , alimentado com dieta de nível da relação treonina: lisina i ; b_{jk} é o coeficiente de regressão fixo k atribuído ao sexo j ; a_{hk} é o coeficiente de regressão aleatória k de efeito genético aditivo direto atribuído ao animal h ; $x_k(i)$ é o polinômio de Legendre k associado ao nível da relação treonina: lisina i e e_{hij} é o resíduo associado à observação y_{hij} sendo que este foi o único efeito que não foi considerado uma função da relação de treonina: lisina das dietas.

O modelo em notação matricial é descrito como:

$$y = Xb + Za + e$$

Em que:

y é o vetor de observações; b é o vetor com coeficientes de regressão relativos aos efeitos fixos de sexo; a é o vetor com coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito genético aditivo direto; X e Z são matrizes de incidência dos efeitos em b e a , contendo polinômios de Legendre relativos ao nível de treonina utilizado na observação; e e é o vetor dos resíduos.

Para escolha do modelo que melhor descrevia as variáveis foi adotado o critério de informação bayesiano (BIC – *Bayesian information criterion*), proposto por Schwarz (1978), para ambas as linhagens, LF1 e LF2. Esse método permite comparar modelos não aninhados e penaliza os modelos com maior número de parâmetros, obtendo-se modelos mais parcimoniosos (Wolfinger, 1993).

$$BIC = -2\log L + p \log(n),$$

em que: L refere-se ao valor maximizado da função de verossimilhança do modelo ajustado; p é o número de parâmetros livres a serem estimados; e n é o número de observações ou tamanho da amostra, e $\log L$, o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita

(Wolfinger, 1993). Menores valores de BIC indicam modelos mais adequados (Burnham & Anderson, 2004).

Considera-se ainda que:

$$E(y) = XB$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & \sigma_{b_0 b_1} \\ \sigma_{b_0 b_1} & \sigma_{b_1}^2 \end{bmatrix}$$

$$V(y) = Z(A \otimes G)Z' + I_n \sigma_e^2$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G & \phi \\ \phi & I_n \sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que, $\sigma_{b_0}^2$ e $\sigma_{b_1}^2$ são componentes de variância atribuídos aos coeficientes de regressão constante e linear do efeito genético aditivo direto; $\sigma_{b_0 b_1}$ é o componente de covariância entre os coeficientes de regressão aleatórios do intercepto e linear do efeito genético aditivo direto; σ_e^2 é o componente de variância residual; A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright; n é o número de observações, G é a matriz de covariância genética aditiva, ϕ é o polinômio de Legendre e I_n é a matriz identidade.

Após a obtenção de G , estimações das variâncias e covariâncias genéticas aditivas diretas, para qualquer nível de treonina ou combinação de níveis de treonina, tornaram-se possíveis e foram obtidas por meio de funções de covariância (Kirkpatrick et al., 1990). A partir dessas funções, obtém-se a estrutura de covariância genética aditiva direta em função do nível de treonina da dieta. Assim, a covariância genética aditiva direta entre os níveis de treonina i e j , σ_{aij} foi obtida por:

$$\sigma_{aij} = Z_i G Z_j'$$

Em que:

$$\begin{aligned} Z_i &= [x_0(i) \quad x_1(i)] \\ Z_j &= [x_0(j) \quad x_1(j)] \end{aligned}$$

A estimativa da herdabilidade direta em função do nível de treonina da dieta e classe residual foi feita da seguinte maneira:

$$h_{d_i}^2 = \frac{Z_i G Z_i'}{Z_i G Z_i' + \sigma_e^2}$$

Em que:

i representa o nível de treonina da dieta, j refere-se à classe residual a qual este nível faz parte e $h_{d_i}^2$ é a herdabilidade direta para o nível de treonina: lisina i

Os componentes de covariância atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados por meio do programa Wombat (2006), que utiliza o método da máxima verossimilhança restrita (REML). Funções de covariância foram utilizadas para estimar a estrutura de covariância genética aditiva, a herdabilidade direta em função dos níveis de treonina da dieta e as classes de variâncias residuais. O critério de convergência adotado foi 1×10^{-11} .

Todas as aves foram pesadas individualmente, do início ao término do experimento, semanalmente.

O abate ocorreu conforme o estabelecido no RIISPOA: Regulamento de Inspeção Industrial e Sanitária dos Produtos de Origem Animal e no Regulamento Técnico da Inspeção Tecnológica e Higiênico-Sanitária de Carne de Aves (Brasil, 1952).

Após jejum alimentar de 10 horas, as aves foram pesadas individualmente. Foi feita a insensibilização por deslocamento cervical; sangria por dois minutos; escalda à temperatura de 52°C para o afrouxamento das penas; retirada das penas realizada por depenadeira mecânica. As carcaças (evisceradas e desprovidas de pés e cabeça) foram lavadas e pesadas, em seguida foram realizados os cortes para obtenção do peso e rendimento da carcaça e de cortes nobres (peito e pernas). Foram avaliadas as seguintes características: peso da carcaça (PCA), peso do peito (PP), peso da coxa + sobrecoxa (PCSC), além do rendimento da carcaça (RCA), rendimento do peito (RP) e rendimento da coxa + sobrecoxa (RCSC). Os rendimentos do peito e coxa + sobrecoxa foram obtidos com relação ao peso da carcaça (PCA) e o rendimento da carcaça foi em relação ao peso pré-abate (PPA).

Foi realizado o descarte das observações das codornas sem identificação de sexo e que apresentavam características de desempenho e carcaça maior ou menor que três desvios-padrão em relação à média da característica das codornas em cada idade (Tabela 3).

Tabela 3. Estatística descritiva dos dados utilizados nas análises referentes às codornas de corte das linhagens LF1 e LF2 para características de desempenho e carcaça

Linhagem	Característica¹	Nº Observações	Média	Desvio Padrão	Máximo	Mínimo	MP
LF1	P28	596	210,13	21,91	144,40	275,86	1149
	P35	635	258,24	26,34	179,21	337,27	1189
	PPA	545	254,31	28,16	169,83	338,79	1083
	PCarc	626	188,39	21,81	122,98	253,81	1180
	RCarc	542	75,20	12,34	38,19	112,21	1080
	Ppeito	624	77,58	10,55	45,94	109,23	1178
	RPeito	627	42,24	19,34	-15,78	100,25	1181
	PCSC	622	42,38	5,03	27,29	57,47	1176
	RCSC	625	22,83	6,61	2,99	42,66	1179
LF2	P28	634	203,76	23,37	133,66	273,87	1220
	P35	638	248,45	28,64	162,12	333,95	1224
	PPA	668	248,11	28,52	163,06	334,19	1254
	PCarc	601	184,00	20,00	124,01	243,99	1184
	RCarc	587	74,54	12,12	38,17	110,91	1169
	Ppeito	607	75,93	10,53	44,33	107,52	1190
	RPeito	603	41,24	3,29	31,36	51,13	1186
	PCSC	605	41,39	4,76	27,11	55,68	1188
	RCSC	586	16,83	2,78	8,49	25,17	1168

P28 = peso aos 28 dias; P35 = peso aos 35 dias de idade; PPA = peso pré abate; PCarc = peso da carcaça; RCarc = rendimento da carcaça; ppeito = Peso do peito; Rpeito = rendimento do peito; Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa; Rcsc = rendimento da coxa + sobrecoxa; MP = Matriz de parentesco

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os modelos que consideraram duas classes de variância residual foram melhores que os demais modelos avaliados (Tabela 4), para peso aos 28 dias em ambas as linhagens, em razão do menor valor de BIC (*Bayesian Information Criterion*).

Observa-se na Tabela 4 que para o peso aos 35 dias (LF1), o modelo de 3 classes foi mais adequado e para peso aos 35 dias (LF2), foi o modelo de 4 classes. Observa-se que para rendimento da coxa + sobrecoxa (LF1) o modelo mais adequado foi o de 4 classes (Tabela 5), já para o restante das características estudadas, o melhor modelo foi o que utilizou duas classes de variância residual sendo assim, este o modelo adotado para todas as análises. Menores valores de BIC indicam modelos mais adequados (Burnham & Anderson, 2004).

Apesar de Felipe et al. (2012) terem avaliado a sensibilidade dos valores genéticos para o peso de codornas de corte, aos 21 a 35 dias de idade, com dietas contendo diferentes níveis de proteína bruta, eles relatam que os modelos que consideraram a heterogeneidade de variância residual se mostraram melhores do que aqueles que consideraram a variância do resíduo homogênea.

Tabela 4: Comparação de modelos com heterogeneidade e homogeneidade de variância residual pelo Critério de Informação Baysiano (BIC)

Linhagem	Peso Corporal ¹	Classes de variância residual	Número de parâmetros	BIC ²
LF1	P28	1	4	4007,015
		2	5	2012,418
		3	6	2015,135
		4	7	2015,739
	P35	1	4	4684,887
		2	5	2311,814
		3	6	2303,317
		4	7	2297,407
LF2	P28	1	4	4372,706
		2	5	2190,590
		3	6	2193,331
		4	7	2196,079
	P35	1	4	4804,535
		2	5	2425,662
		3	6	2426,257
		4	7	2423,404

P28 e P35 = pesos corporais 28 e 35 dias de idade, respectivamente.

²Critério de Informação Baysiano, com valores em negrito indicando o melhor modelo.

Tabela 5: Comparação de modelos com heterogeneidade e homogeneidade de variância residual pelo Critério de Informação Baysiano (BIC)

Linhagem	Característica ¹	Classes de variância residual	Número de parâmetros	BIC ²
LF1	PPA	1	4	4150,830
		2	5	2080,628
		3	6	2082,604
		4	7	2084,055
	Pcarc	1	4	4318,332
		2	5	2168,679
		3	6	2171,433
		4	7	2174,074
	Rcarc	1	4	3162,388
		2	5	1583,204
		3	6	1585,396
		4	7	1585,466
	Ppeito	1	4	3489,353
		2	5	1766,876
		3	6	1769,563
		4	7	1772,242
	Rpeito	1	4	2002,665
		2	5	1024,364
		3	6	1026,202
		4	7	1028,929
	Pcsc	1	4	2446,493
		2	5	1222,719
		3	6	1224,653
		4	7	1225,575
	Rcsc	1	4	1237,116

		2	5	701,699
		3	6	682,151
		4	7	608,881
LF2	PPA	1	4	5036,083
		2	5	2569,126
		3	6	2570,485
		4	7	2573,275
	Pcarc	1	4	4170,890
		2	5	2084,724
		3	6	2087,503
		4	7	2090,082
	Rcarc	1	4	3471,441
		2	5	1744,481
		3	6	1746,768
		4	7	1748,877
	Ppeito	1	4	3469,897
		2	5	1753,134
		3	6	1754,803
		4	7	1757,410
	Rpeito	1	4	1839,743
		2	5	951,428
		3	6	950,878
		4	7	953,454
	Pcsc	1	4	2436,791
		2	5	1202,201
		3	6	1204,982
		4	7	1207,562
	Rcsc	1	4	1713,216
		2	5	865,033
		3	6	867,647
		4	7	869,201

¹PPA = peso pré-abate, Pcarc = peso da carcaça, Rcarc = rendimento da carcaça, Ppeito= peso do peito, Rpeito= rendimento do peito, Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa e Rcsc = rendimento da coxa + sobrecoxa.,

²Critério de Informação Bayesiano, com valores em negrito indicando o melhor modelo.

Pelas correlações genéticas entre as características nas diferentes dietas fornecidas (Tabelas 6 e 7), observa-se que há ocorrência da IGA em grande parte das características estudadas. Robertson (1959) sugere que valores de correlação genética menor que 0,80 indicam alterações importantes nos valores genéticos das características em diferentes ambientes.

Para peso corporal aos 28 dias, não há indicação de interação genótipo x ambiente, tanto na linhagem LF1 quanto na LF2, todas as correlações foram maiores que 0,8. Para peso corporal aos 35 dias de idade (LF1), ocorre interação entre o nível da relação treonina: lisina 0,71 e os demais níveis; já na LF2 ocorre interação entre os seguintes níveis da relação treonina: lisina (0,71 e 0,91); (0,76 e 0,91). Correlações menores que 0,8 indicam forte e importante interação genótipo x ambiente, em que a classificação dos animais pode variar entre os ambientes. Fato esse que pode ser observados nas Figuras 1, 2 e 3, em que a

classificação das codornas variam entre os ambientes, isto é, alguns dos genes que controlam a característica em um ambiente são diferentes daqueles que controlam a mesma característica em outro ambiente (Robertson, 1959).

As duas linhagens (LF1 e LF2), apresentam interação genótipo x ambiente, com valores de correlação menores que 0,80 para peso da carcaça, rendimento da carcaça e peso do peito. A linhagem LF1 também apresentou IGA peso pré-abate e rendimento do peito; e a linhagem LF2, para peso do peito, peso da coxa + sobrecoxa, rendimento do peito e rendimento da coxa + sobrecoxa (Tabela 7).

Tabela 6: Estimativas das correlações genéticas entre os pesos corporais nos diferentes níveis da relação treonina: lisina, para as linhagens LF1(acima da diagonal) e LF2 (abaixo da diagonal)

Peso corporal aos 28 dias de idade					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,999	0,993	0,984	0,968
0,76	0,999	-	0,998	0,992	0,981
0,81	0,994	0,998	-	0,998	0,998
0,86	0,973	0,982	0,993	-	0,997
0,91	0,879	0,899	0,927	0,966	-
Peso corporal aos 35 dias de idade					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,114	-0,876	-0,927	-0,941
0,76	0,995	-	0,379	0,268	0,228
0,81	0,967	0,988	-	0,993	0,988
0,86	0,874	0,918	0,969	-	0,999
0,91	0,622	0,699	0,801	0,925	-

Tabela 7: Estimativas das correlações genéticas entre os pesos e rendimentos de carcaça e cortes nos diferentes níveis da relação treonina: lisina, para as linhagens LF1(acima da diagonal) e LF2 (abaixo da diagonal)

Peso pré-abate					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,939	-0,392	-0,829	-0,895
0,76	0,998	-	-0,052	-0,586	-0,688
0,81	0,993	0,998	-	0,840	0,761
0,86	0,985	0,994	0,999	-	0,991
0,91	0,976	0,988	0,995	0,999	-
Peso da carcaça					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,956	0,135	-0,671	-0,819
0,76	0,994	-	0,420	-0,424	-0,614
0,81	0,931	0,965	-	0,644	0,458
0,86	0,297	0,397	0,624	-	0,975
0,91	-0,631	-0,545	-0,305	0,554	-
Rendimento da carcaça					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,999	0,987	0,736	-0,832
0,76	0,998	-	0,994	0,766	-0,806
0,81	0,954	0,971	-	0,834	-0,734
0,86	-0,763	-0,722	-0,535	-	-0,237
0,91	-0,959	-0,939	-0,830	0,915	-
Peso do peito					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,629	0,008	-0,251	-0,365
0,76	0,498	-	0,782	0,595	0,493
0,81	-0,308	0,671	-	0,966	0,928
0,86	-0,529	0,472	0,970	-	0,993
0,91	-0,612	0,381	0,941	0,995	-
Rendimento do peito					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,979	0,838	0,410	-0,093
0,76	0,999	-	0,932	0,588	0,112
0,81	0,989	0,995	-	0,841	0,465
0,86	0,893	0,914	0,950	-	0,870
0,91	-0,354	-0,309	-0,212	0,104	-
Peso da coxa + sobrecoxa					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,999	0,992	0,972	0,921
0,76	0,949	-	0,997	0,983	0,941
0,81	0,744	0,917	-	0,994	0,964
0,86	0,437	0,699	0,926	-	0,987
0,91	0,169	0,473	0,785	0,961	-
Rendimento da coxa + sobrecoxa					
Níveis da relação treonina: lisina	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	1	0,999	0,995	0,945
0,76	0,949	-	1	0,996	0,950
0,81	0,744	0,917	-	0,998	0,958
0,86	0,437	0,699	0,926	-	0,973
0,91	0,169	0,473	0,785	0,961	-

Para as duas linhagens (LF1 e LF2), os dois coeficientes apresentaram associação positiva para peso aos 35 dias, peso pré-abate, peso do peito e peso da carcaça (LF1), rendimento do peito, (LF2), peso e rendimento da coxa + sobrecoxa (LF2); todavia apresentaram associação negativa nas duas linhagens para peso corporal aos 28 dias e na linhagem LF1 para: rendimento do peito, peso e rendimento da coxa + sobrecoxa.

As correlações entre coeficientes de regressão aleatória (o intercepto e linear) do efeito genético aditivo direto foram negativos para peso corporal aos 28 dias, rendimento da carcaça e de peito (ambas as linhagens), peso corporal aos 35 dias (LF2), peso da carcaça (LF2), peso e rendimento da coxa + sobrecoxa (LF1) e foram positivas para peso pré-abate, peso do peito (ambas as linhagens), peso aos 35 dias (LF1), peso da carcaça (LF1), peso e rendimento da coxa + sobrecoxa (LF2). As correlações negativas indicam que os maiores valores do coeficiente de regressão aleatória do intercepto estão associados aos menores valores do coeficiente de regressão linear e vice versa. O potencial genético das codornas da magnitude e do sinal do valor do coeficiente linear e do nível da relação treonina: lisina da dieta.

Tabela 8: Componentes de variância dos aleatórios (b0 e b1) do efeito genético aditivo direto em função dos níveis da relação treonina: lisina da dieta e variâncias residuais estimados para as linhagens LF1 e LF2

LF1						
Característica ¹	$\sigma_{b_0b_1}$	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{e_1}^2$	$\sigma_{e_2}^2$	$r_{b_0b_1}$
P28	-3,213	60,361	0,489	283,471	274,770	-0,592
P35	69,104	65,902	76,889	364,900	490,251	0,971
PPA	22,814	18,465	72,334	783,239	671,404	0,624
Pcarc	0,231	0,690	2,243	334,459	372,879	0,186
Rcarc	-3,486	4,259	3,064	117,172	117,179	-0,965
Ppeito	1,944	3,390	1,841	107,560	96,883	0,778
Rpeito	-0,010	0,036	0,014	28,708	6,754	-0,451
Pcsc	-0,652	3,141	0,168	18,247	15,588	-0,897
Rcsc	-0,429	0,984	0,189	1,619	2,923	-0,995
LF2						
Característica ¹	$\sigma_{b_0b_1}$	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{e_1}^2$	$\sigma_{e_2}^2$	$r_{b_0b_1}$
P28	-57,257	175,789	20,478	125,771	305,562	-0,954
P35	17,205	135,592	-37,453	612,191	654,511	-0,775
PPA	12,310	221,000	1,552	618,985	708,396	0,665
Pcarc	-10,569	14,228	11,636	321,759	355,160	-0,821
Rcarc	-6,700	4,231	12,500	104,104	127,213	-0,919
Ppeito	2,375	3,255	2,451	103,684	111,421	0,841
Rpeito	0,136	0,353	0,145	4,734	8,229	-0,961
Pcsc	0,768	0,177	4,000	11,419	7,000	0,871
Rcsc	0,006	0,160	0,038	5,547	6,738	0,076

P28 = peso aos 28 dias; p35= peso aos 35 dias de idade; PPA= peso pré-abate; Pcarc= peso da carcaça; Rcarc= rendimento da carcaça; Ppeito= peso do peito; Rpeito= rendimento do peito; Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa; Rrcsc= rendimento da coxa + sobrecoxa; $\sigma_{b_0b_1}$ = variância entre b0 e b1; $\sigma_{b_0}^2$ = variância de b0; $\sigma_{b_1}^2$ = Variância de b1; $\sigma_{e_1}^2$ = variância do erro 1; $\sigma_{e_2}^2$ = variância do erro 2; $r_{b_0b_1}$ = regressão entre b0 e b1

Não se observaram modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos em função dos níveis da relação treonina: lisina para peso corporal aos 28 dias (LF1), já para peso corporal aos 28 dias (LF2) e 35 dias de idade (LF2), houve redução na dispersão dos dados. Para peso 35 dias (LF1), houve inversão na classificação, sendo que a inversão ocorreu no nível de 0,76 de treonina (Figura 1).

Observaram-se inversão da classificação dos valores genéticos para todas as características estudadas, exceto para peso pré-abate (LF2), onde ocorreu aumento na dispersão dos valores genéticos (Figura 2). Isto representa um problema para o melhoramento genético, pois os melhores animais selecionados em um nível de treonina: lisina não expressariam todo seu potencial genético se criados em níveis de treonina: lisina diferentes.

Observaram-se também alterações na classificação genética para peso do peito em ambas as linhagens, sendo que no nível de 0,76 de treonina, os dados apresentam aumento na dispersão dos valores genéticos (Figura 3). Para rendimento de peito (LF1), foi observada leve redução na dispersão dos valores genéticos aditivos em função dos níveis de treonina da dieta e alterações na classificação. Para rendimento do peito (LF2), ocorreu inversão na classificação dos valores genéticos para níveis mais altos de treonina. Esse comportamento indica que a interação genótipo ambiente assume papel importante na expressão das características.

Ocorreu redução na dispersão dos valores genéticos para peso da coxa + sobrecoxa (LF1) e rendimento da coxa + sobrecoxa (LF1 e LF2), para peso da coxa + sobrecoxa (LF2), também ocorre inversão na dispersão dos valores genéticos (Figura 3). Esse comportamento, em ambas as linhagens, indica heterogeneidade de sensibilidades de valores genéticos aditivos à mudança do nível nutricional, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente.

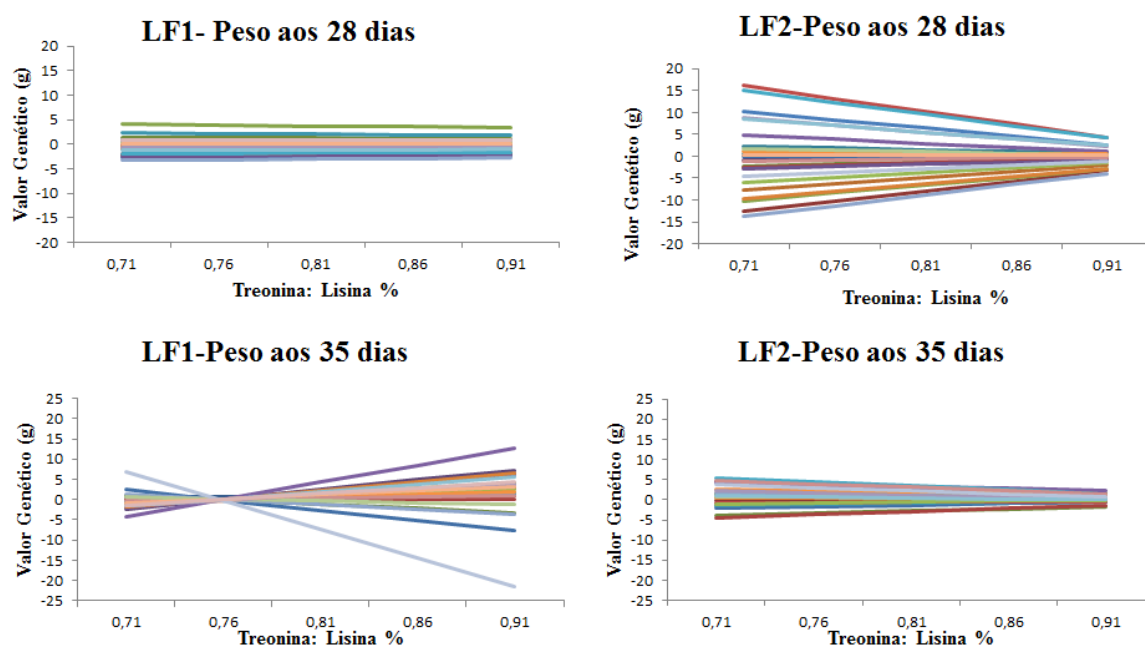


Figura 1. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para peso corporal aos 28 e aos 35 dias de idade das linhagens LF1 e LF2.

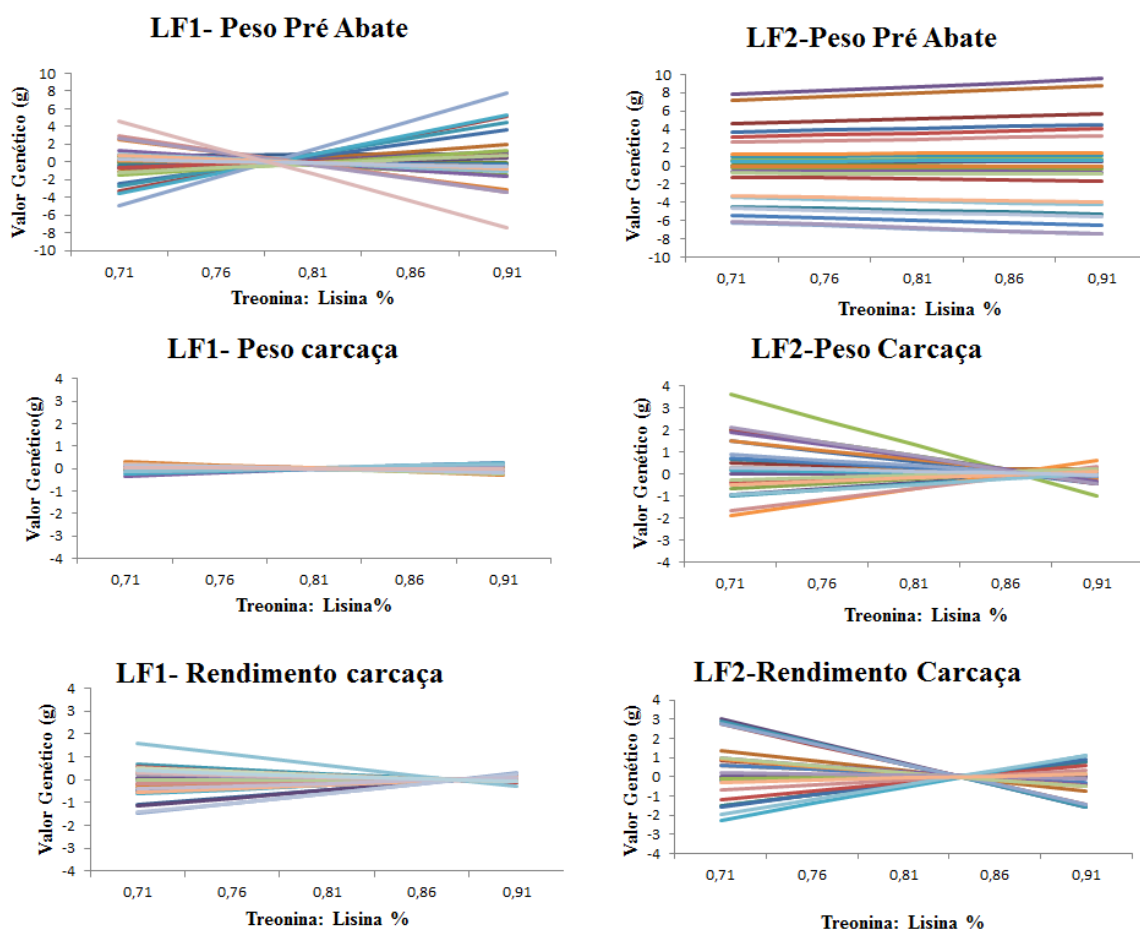


Figura 2. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para peso pré-abate, pesos e rendimentos de carcaça e peito das linhagens LF1 e LF2.

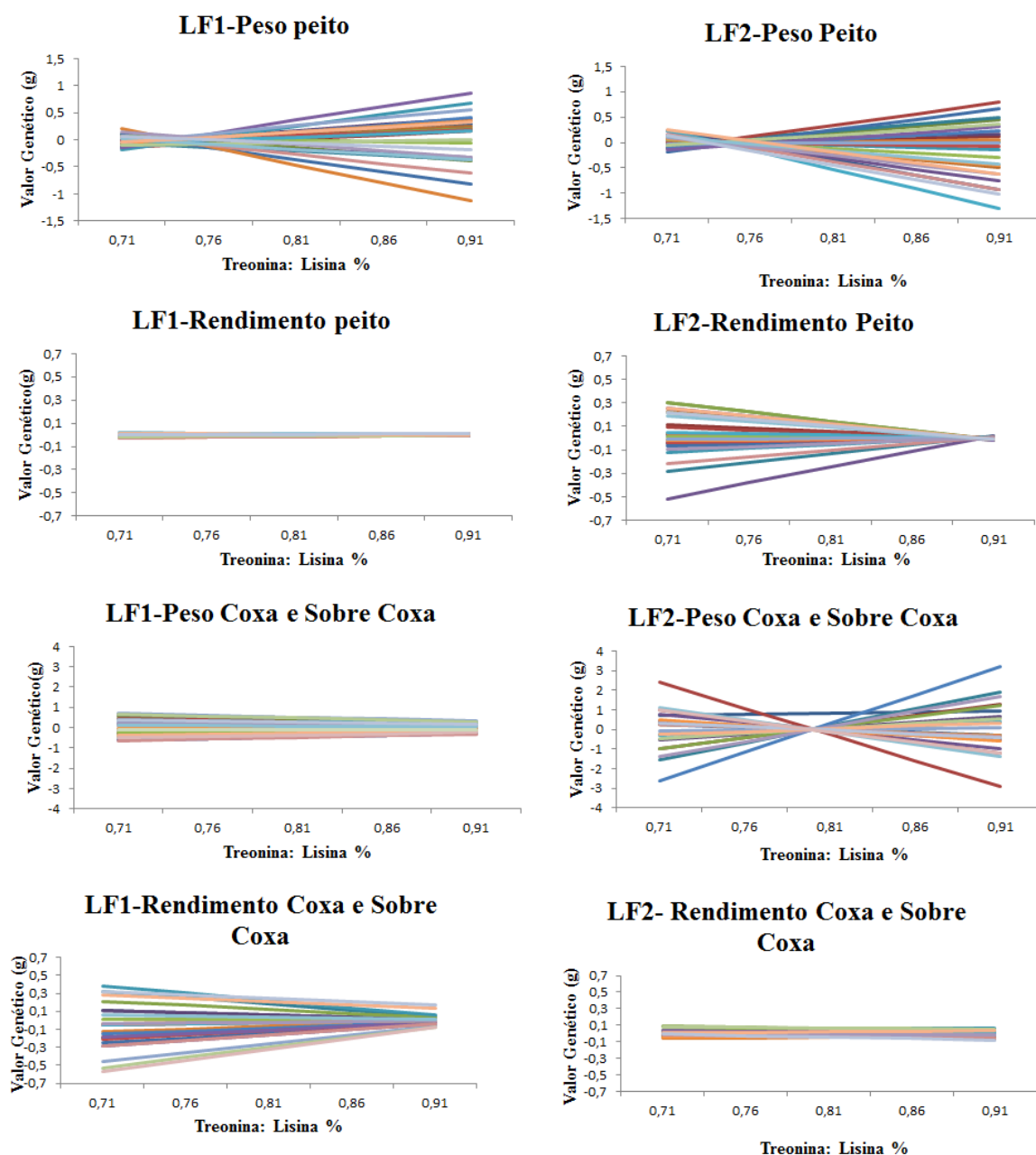


Figura 3. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para pesos e rendimentos do peito e coxa + sobrecoxa das linhagens LF1 e LF2.

A herdabilidade foi maior para o menor nível da relação treonina: lisina (0,71) para a maioria das características avaliadas, exceto para peso aos 35 dias (LF1) no qual a herdabilidade foi maior para o nível de 0,91; a herdabilidade foi maior para o nível de 0,76 da relação treonina: lisina, indicando que a seleção seria mais eficiente em níveis mais baixo de treonina (Tabela 9).

Na linhagem LF1, a herdabilidade foi maior para o maior nível de treonina (0,91) para maioria das características, exceto para rendimento da carcaça (0,71) rendimento

do peito (0,76) e peso da coxa + sobrecoxa (0,71). Para a linhagem LF2, a herdabilidade foi maior para o nível de 0,71 para maioria das características, com exceção de peso pré abate, peso do peito (0,91) e rendimento da coxa + sobrecoxa (0,76) (Tabela 10).

Tabela 9: Estimativas de herdabilidade (h^2) e variância genética (σ_A^2) para pesos corporais de codornas de corte das linhagens LF1 e LF2, segundo as relações (treonina:lisina) da dieta

Codornas de corte das linhagens LF1 e LF2, segundo as relações (treonina:lisina) da dieta							
Linhagem	Característica ¹	Relação (treonina): lisina					
		0,71	0,76	0,81	0,86	0,91	
LF1	P28	h^2	0,114	0,108	0,099	0,091	0,084
		σ_A^2	36,478	33,146	30,181	27,582	25,349
	P35	h^2	0,073	0,004	0,063	0,199	0,353
		σ_A^2	28,594	1,939	32,951	121,630	267,976
LF2	P28	h^2	0,634	0,322	0,223	0,131	0,060
		σ_A^2	217,784	145,160	87,895	45,988	19,440
	P35	h^2	0,206	0,140	0,094	0,060	0,042
		σ_A^2	158,475	106,684	67,796	41,813	28,734

¹ P28= peso aos 28 dias de idade, P35= peso aos 35 dias de idade.

Tabela 10. Estimativas de herdabilidade (h^2) e variância genética (σ_A^2) para peso pré-abate e características de carcaças de codornas de corte das linhagens LF1 e LF2, segundo as relações (treonina:lisina) da dieta

Linhagem	Característica ¹		Relação (treonina): lisina				
			0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
LF1	PABATE	h^2	0,091	0,024	0,014	0,077	0,190
		σ_A^2	78,218	16,600	9,232	56,115	157,247
	PCARC	h^2	0,010	0,003	0,001	0,004	0,011
		σ_A^2	3,308	0,986	0,345	1,387	4,110
	RCARC	h^2	0,098	0,051	0,018	0,002	0,006
		σ_A^2	12,764	6,297	2,130	0,260	0,689
	PPEITO	h^2	0,010	0,007	0,017	0,040	0,075
		σ_A^2	1,089	0,701	1,695	4,069	7,824
	RPEITO	h^2	0,002	0,005	0,003	0,002	0,003
		σ_A^2	0,057	0,032	0,018	0,015	0,022
	PCSC	h^2	0,139	0,124	0,092	0,064	0,043
		σ_A^2	2,953	2,198	1,570	1,069	0,693
	RCSC	h^2	0,516	0,758	0,856	0,939	0,989
		σ_A^2	1,518	0,934	0,492	0,191	0,032
LF2	PABATE	h^2	0,129	0,124	0,135	0,147	0,159
		σ_A^2	91,507	100,421	110,500	121,743	134,149
	PCARC	h^2	0,118	0,055	0,020	0,007	0,017
		σ_A^2	42,875	20,631	7,114	2,325	6,263
	RCARC	h^2	0,238	0,090	0,016	0,008	0,068
		σ_A^2	32,520	12,616	2,115	1,017	9,322
	PPEITO	h^2	0,011	0,004	0,014	0,040	0,078
		σ_A^2	1,190	0,490	1,628	4,604	9,418
	RPEITO	h^2	0,111	0,049	0,021	0,005	0,002
		σ_A^2	0,771	0,419	0,177	0,043	0,017
	PCSC	h^2	0,022	0,013	0,012	0,015	0,021
		σ_A^2	0,127	0,089	0,080	0,100	0,148
	RCSC	h^2	0,737	0,776	0,621	0,443	0,369
		σ_A^2	0,278	0,483	0,749	1,078	1,469

¹PABATE = peso ao abate; PCARC = peso da carcaça; RCARC = rendimento da carcaça; PPEITO = peso do peito; RPEITO = rendimento do peito; PCSC = peso da coxa sobrecoxa; RCSC = rendimento da coxa + sobrecoxa.

As superfícies estimadas para as estruturas de covariâncias genéticas para essas combinações de pesos, rendimentos e linhagem apresentaram maior inclinação em direção aos maiores valores dos eixos x e y, indicando maiores valores de covariância para as combinações entre os maiores valores de treonina.

Para peso aos 28 dias (LF1) houve estabilidade entre os dados, resultados coerentes com a norma de reação, onde não foi observado modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos em função dos níveis de treonina da dieta. Para peso corporal aos

35 dias (LF1), pode-se observar inclinação mais intensa para os maiores valores da relação treonina: lisina. Para peso corporal aos 28 e 35 dias de idade, observa-se maiores inclinações em direção aos menores valores da relação treonina: lisina estudadas (Figura 4).

Na Figura 5, não se observa intensa inclinação em direção aos maiores valores de x e y para peso pré-abate em ambas as linhagens, peso e rendimento da carcaça na linhagem LF1. Observa-se maior inclinação em direção as menores relações de treonina: lisina para peso e rendimento da carcaça (LF2).

Na Figura 6, observa-se que as estruturas de covariância genéticas não obtiveram intensas modificações para rendimento do peito e peso da coxa + sobrecoxa na linhagem LF1 e rendimento da coxa + sobrecoxa (LF2). Observa-se aumento da inclinação das estruturas de covariância genética em direção aos menores valores da relação treonina: lisina para rendimento do peito (LF2) e rendimento da coxa + sobrecoxa (LF1). Todavia ocorre aumento dos valores de covariância para peso de peito em ambas as linhagens. Para peso da coxa + sobrecoxa na linhagem LF2, observa-se reordenamento dos valores de covariância, fato esse que se vê na figura de normas de reação (Figura 3).

Apesar de Santos et al. (2008) terem trabalhado com níveis de proteína na dieta, eles observaram que os valores de variância e covariância não apresentam intensas modificações quando estimados para diferentes idades ou combinações de idades e diferentes níveis de proteína bruta (24, 26, 28, 30%).

Felipe et al. (2012), também indicam que a estrutura de covariância genética aditiva direta apresentou inclinação em direção aos maiores valores de proteína bruta indicando presença de maior variação nos níveis de proteína bruta para os níveis mais altos dentre os utilizados (24, 26, 28 e 30%). Foi observada mudança nos valores de (co)variância do efeito genético aditivo em todas as combinações grupo genético e idade com a mudança do nível proteico da dieta.

Da mesma forma, Bonafé et al. (2011) também observaram que as estruturas de covariância genéticas aditivas diretas estimadas não apresentaram intensa inclinação em direção aos maiores valores dos eixos x e y, mas foram observados maiores valores de covariância (positivos e negativos) para as combinações entre os maiores valores de nível proteico (30%).

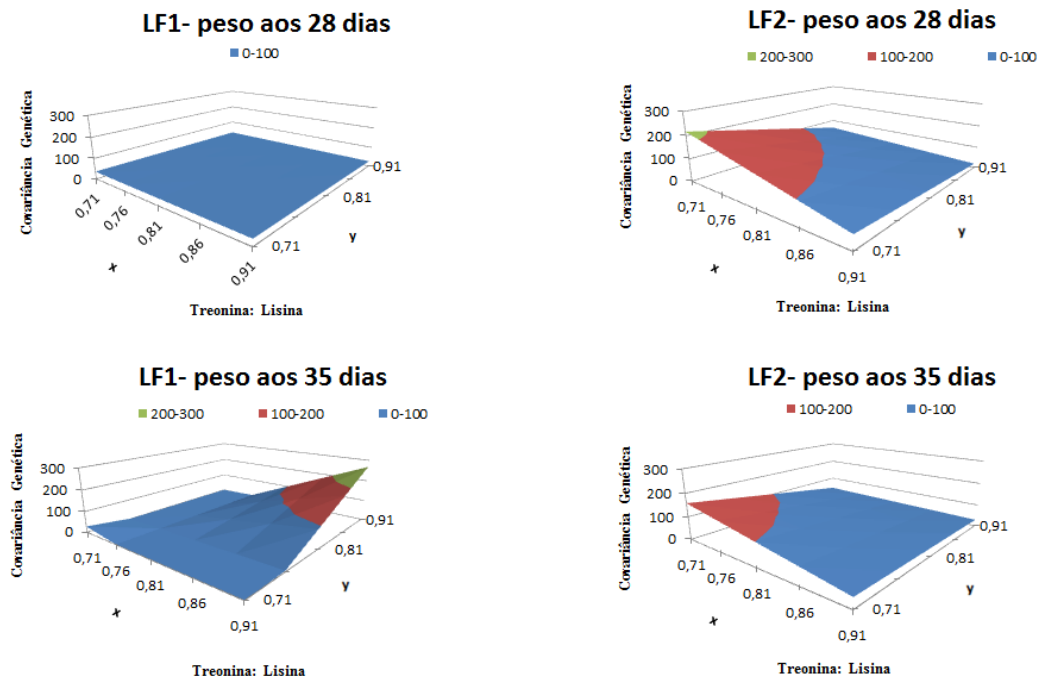


Figura 4: Estrutura de covariância do efeito genético aditivo direto, em função do nível de treonina estimadas para pesos 28 e 35 dias de idade, para as linhagens LF1 e LF2.

Figura 5: Estrutura de covariância do efeito genético aditivo direto, em função do nível de treonina estimadas para peso pré-abate e pesos e rendimentos de carcaça para as linhagens LF1 e LF2.

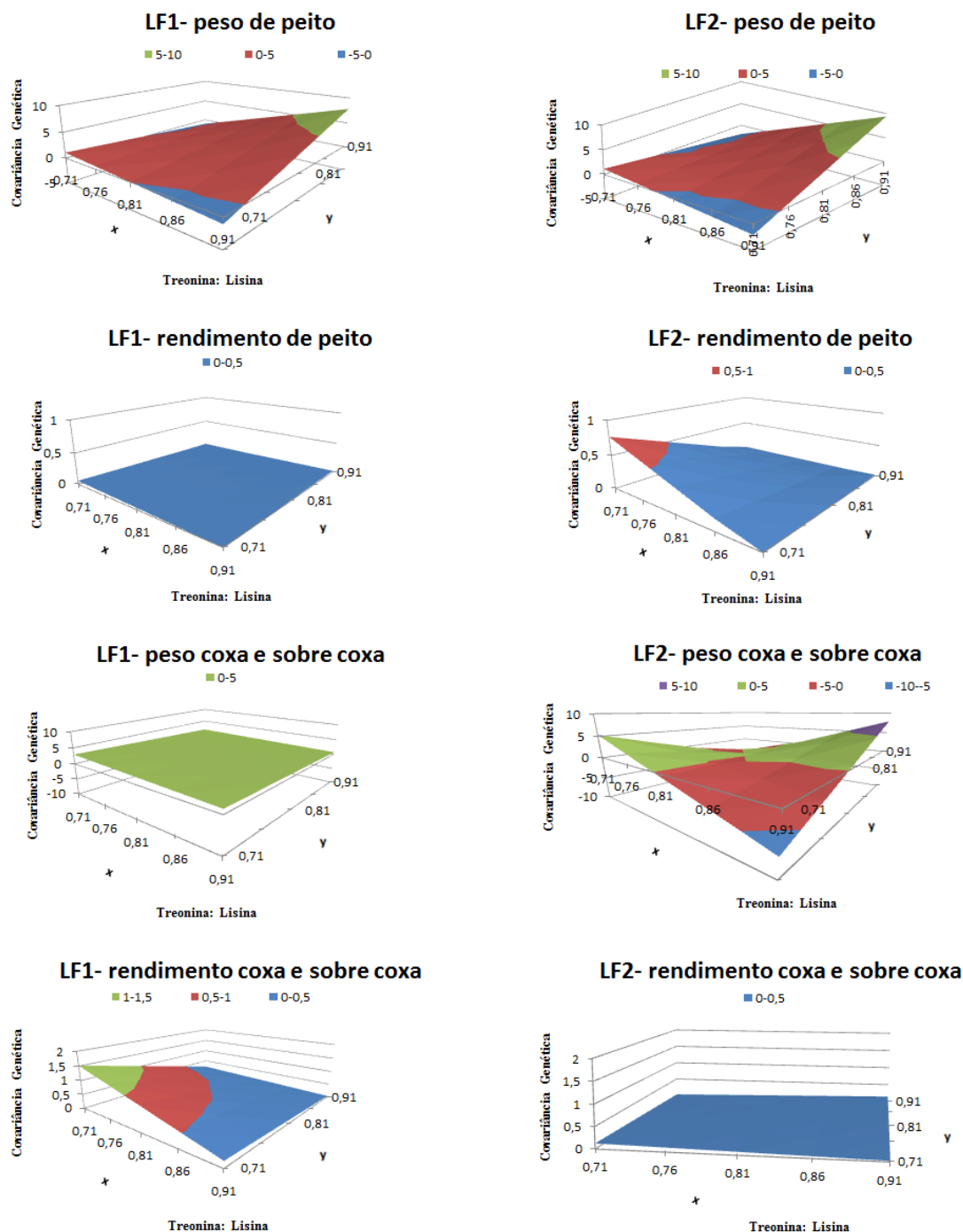


Figura 6: Estrutura de covariância do efeito genético aditivo direto, em função da relação treonina: lisina estimadas para pesos e rendimentos de peito e sobrecoxa para as linhagens LF1 e LF2.

CONCLUSÃO

Modelos de regressão aleatória que consideram heterogeneidade de variância residual são melhores do que os que consideram a variância residual homogênea no estudo da sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte alimentadas com dieta contendo diferentes níveis da relação treonina: lisina.

Verificou-se a existência da interação genótipo x ambiente para as duas linhagens de codornas de corte estudadas, seja por reordenamento ou alteração na dispersão da variância dos valores genéticos.

A predição dos valores genéticos deve ser feita com a mesma relação de treonina: lisina da dieta que as codornas serão alimentadas no sistema de produção.

As estimativas de herdabilidade apresentaram comportamento decrescente ao aumento da relação treonina: lisina da dieta de codornas de corte; portanto, maiores ganhos genéticos podem ser obtidos ao selecionar as aves com menores níveis dessa relação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características decrescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- BONAFÉ, C. M.; TORRES, R. A. T.; SARMENTO, J. L. R. S. et al. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.4, p.765-771, 2011.
- BRASIL. Ministério da Agricultura. Regulamento da inspeção industrial e sanitária de produtos de origem animal - RIISPOA. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 02 de setembro de 2015.
- BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Multimodel inference: understanding AIC and BIC in model selection. **Sociological Methods and Researchers**, v.33, n.2, p.261-304, 2004.
- CARDOS, F.F., ROSA, G.J.M., TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal Animal Science**, v.83, n.8, p.1766–1779, 2005.
- CAVALCANTE-NETO, A.; THOLON, P. LUI, J.F. et al. Modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual para descrever o tamanho da leitegada. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.4, p.1043- 1050, 2011.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável em codornas de corte durante a fase de crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**; v.59, n.2, p.488-494, 2007.
- COSTA, C.H.R.; BARRETO, S.L.T.; MOURA, W.C.O. et al. Níveis de fósforo e cálcio em dietas para codornas japonesas em postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.2037-2046, 2007 (supl.).
- DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. *American Naturalist*, University of Chicago, USA, v.145, n.4, p.493-512, 1995.
- DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, n.3, p.195-214, 2002.
- DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G., TONHATI, H., TEIXEIRA, R.A. Genetic parameters for weights from birth to 550 days of age of Tabapuã cattle using random regression models. **Brazilian Journal Animal Science**, v.35, n.5, p.1915–1935, 2006.
- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman. 1996.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R.; VALENTE, B.D. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.4, p.0102-0935, 2012.

FUJII, C.; SUZUKI, M. Comparison of homogeneity and heterogeneity of residual variance using random regression test-day models for first lactation Japanese Holstein cows. **Animal Science Journal**, v.77, n.1, p.28-32, 2006.

GONÇALVES, F. M., PIRES, A.V., PEREIRA, I. G., et al. Genetic Evaluation of European quails by random regression models. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.41, n.9, p.2005-2011, 2012.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.6, p.1217-1226, 1997.

KIDD, M.T.; KERR, B.J. L-threonine for poultry: a review. *Journal Applied Poultry Research*, Savoy, v. 5, p. 358-367, 1996

KIRKPATRICK, M., HILL, W. G., THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and ageing, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetic Research**, v.64, n.1, p.57-69, 1994.

LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.

MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006.(CD-ROM).

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v.30, n.3, p.221-49, 1998.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.

ROSTAGNO, H.S. ALBINO, L.F.T.; DOZNELE, J.L. et al. **Tabelas brasileiras para suínos e aves: Composição de alimentos e exigências nutricionais**. 2.ed. Viçosa : Universidade Federal de Viçosa, 2005.186p.

SANTOS, G.G.; CORRÊA, G.S.S.; VALENTE, B.D. et al. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SARMENTO, J. L. R. ALBUQUERQUE, L. G.; ROBLEDO, A.A. et al. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p. 1788-1796, 2008.

SILVA, J.H.V.; COSTA, F.G.P. **Tabelas para codornas japonesas e européias**. 3.ed. Jaboticabal – SP: Funep, 2009. 107p.

WOLFINGER, R. 1993. Covariance structures selection in general mixed models. **Communications in Statistics, Simulation and Computing**, v.22, n.04, p.1079-1106, 1993.

CONCLUSÃO GERAL

Modelos de regressão aleatória que consideram heterogeneidade de variância residual são melhores do que os que consideram a variância residual homogênea, no estudo da sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte alimentadas com dieta contendo diferentes níveis de treonina.

Verificou-se a existência da interação genótipo x ambiente para as duas linhagens de codornas de corte, nas duas fases estudadas, de 1 a 21 dias de idade e de 22 a 35 dias de idade.

A predição dos valores genéticos deve ser feita com o mesmo nível da relação treonina: lisina da dieta que as codornas serão alimentadas no sistema de produção.