

UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO
JEQUITINHONHA E MUCURI

FLAVIANA MIRANDA GONÇALVES

AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE CODORNAS DE
CORTE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

DIAMANTINA - MG
2011

FLAVIANA MIRANDA GONÇALVES

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE
UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

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*.

Orientador: Prof. Aldrin Vieira Pires

DIAMANTINA - MG
2011

Ficha Catalográfica - Serviço de Bibliotecas/UFVJM
Bibliotecária Viviane Pedrosa CRB6 2641

| | |
|---------------|---|
| G635a 2011 | <p>Gonçalves, Flaviana Miranda Avaliação genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória / Flaviana Miranda Gonçalves. – Diamantina: UFVJM, 2011. 42p. Dissertação (Dissertação apresentada ao Curso de Pós- Graduação Stricto Sensu em Produção Animal)-Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.</p> <p>Orientador: Prof. Aldrin Vieira Pires</p> <p>1. <i>Coturnix coturnix coturnix</i> 2. Heterogeneidade de variância 3. Parâmetros genéticos 4. Polinômios de Legendre</p> <p style="text-align: right;">CDD 636.594</p> |
|---------------|---|

FLAVIANA MIRANDA GONÇALVES

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE
UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

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 29/07/2011.

Prof. Aldrin Vieira Pires - UFVJM
orientador

Prof. Idalmo Pereira Garcia - UFMG
Co-orientador

Prof^ª. Sandra Regina Freitas Pinheiro - UFVJM

Prof. Joerley Moreira - UFVJM

DIAMANTINA - MG
2011

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Geraldo e Maria, pelo amor e exemplo de vida.

À minha grande irmã Flávia, exemplo de amizade e confiança.

A todos meus amigos.

Com carinho,

DEDICO

AGRADECIMENTO

A Deus, pelas minhas vitórias e pela fé que me dá força para superar todos os obstáculos que surgem ao longo da minha vida.

Aos meus pais, Geraldo e Maria, pelo exemplo de vida, dedicação e por me ensinarem diariamente o sentido real da palavra amar.

À minha irmã Flávia, pela amizade, confiança, momentos de alegria e por me ensinar o sentido literal da palavra lutar.

Ao meu orientador, Prof. Aldrin Vieira Pires, pelo exemplo de profissionalismo, orientação muito além do acadêmico, apoio, amizade e por acreditar na minha capacidade.

Ao Prof. Idalmo Garcia Pereira, meu coorientador, pelo apoio e amizade durante todos esses anos.

À Vivian Paula Silva Felipe, pela imensa ajuda nas análises estatísticas e paciência na resolução de problemas e dúvidas.

À Matilde da Conceição Pessoa, pela ajuda essencial, principalmente nas análises estatísticas, pela amizade e paciência no esclarecimento de dúvidas.

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia e a todos os professores que o compõem, pelos valiosos ensinamentos.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa e apoio financeiro.

À FAPEMIG e à CAPES, pelo apoio financeiro aportado ao projeto.

Aos que se mostraram muito mais que simples companheiros de pesquisa ou de trabalho, aos amigos que jamais esquecerei e que conquistei durante a realização deste mestrado: Eduardo, Lucília, Rogério, Jéssica, Valdecy, Carolina, Tânia, Bianca, Leonardo e Diego.

Às minhas amigas da pós-graduação: Talita, Carla, Janaína e Graciele.

A todos os essenciais funcionários da UFVJM, que tornaram tudo mais possível: Geraldo, Rogério e Teodoro.

Às codornas!

Enfim, a todos que, mesmo não citados, foram importantes pela passagem nessa importante etapa da minha vida. Que Deus os abençoe, esteja sempre ao lado de cada um, proporcionando, a todos, momentos de alegrias.

BIOGRAFIA

FLAVIANA MIRANDA GONÇALVES, filha de Geraldo Gonçalves de Pinho e Maria José de Miranda, nasceu em Gouveia - MG em 1º/12/1984, natural de Congonhas do Norte - MG. Em 2005, iniciou o curso de Zootecnia, pela Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, graduando-se em julho de 2009. Em agosto de 2009, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia, na área de Melhoramento Animal, na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – MG. Em 29 de julho de 2011, submeteu-se aos exames finais de defesa de Dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia.

RESUMO

GONÇALVES, Flaviana Miranda. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, julho de 2011. 43p. **Avaliação genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. Orientador: Aldrin Vieira Pires. Co-orientador: Idalmo Garcia Pereira. Dissertação (Mestrado em Zootecnia).

Objetivou-se com este estudo realizar a avaliação genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. Os dados utilizados são provenientes de 28.076 observações mensuradas em 4.507 codornas de corte de uma linhagem fêmea (LF1) pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Codornas do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, em Diamantina/MG. A característica peso corporal das codornas foi mensurada ao nascimento, aos 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, e avaliada por meio de modelos de regressão aleatória. Nas análises, seis diferentes classes de variância residual, de homogênea a heterogênea, foram consideradas, segundo diferentes idades: Classe 1: variância residual homogênea; Classe 2: variância residual heterogênea em dois períodos; Classe 3: variância residual heterogênea em três períodos; Classe 4: variância residual heterogênea em quatro períodos; Classe 5: variância residual heterogênea em cinco períodos e, Classe 6: variância residual heterogênea em seis períodos. Cada classe foi testada com diferentes ordens de ajuste das funções polinomiais de Legendre, as quais variaram de segunda à sexta ordem, para averiguar qual o modelo (classe de heterogeneidade de variância juntamente com a ordem de polinômio de Legendre) apresentou o melhor ajuste para descrever as estruturas de (co)variâncias em função do tempo (idade das codornas). De acordo com todos os critérios avaliados (AIC – Critério de Informação de Akaike, BIC – critério de Informação Bayesiano de Schwarz e LRT – teste da razão de verossimilhança), 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 AIC e BIC, além de LRT significativo. Verificou-se que, com o aumento da idade das codornas, todas as variâncias apresentaram tendência de crescimento. A estimativa de variância genética aditiva aumentou do nascimento até os 35 dias de idade, apresentando ligeira queda dos 35 aos 42 dias. As herdabilidades estimadas foram decrescentes ao longo da curva de crescimento, variando de 0,51 (1 dia) a 0,16 (42 dias). As estimativas de correlações genéticas e de ambiente permanente de animal entre os pesos nas várias idades foram sempre altas e positivas, exceto para peso ao nascimento. No estudo do crescimento das codornas de corte, recomenda-se adotar seis classes (uma para cada semana de idade) de heterogeneidade de variância, juntamente com a utilização de polinômios de Legendre de sexta ordem.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix coturnix*, heterogeneidade de variância, parâmetros genéticos, polinômios de Legendre

ABSTRACT

GONÇALVES, Flaviana Miranda. Federal University of the Jequitinhonha and Mucuri Valleys, July 2011. 43 p. **Genetic evaluation of the growth of european quails by random regression models.** Adviser: Aldrin Vieira Pires. Committee members: Idalmo Garcia Pereira. Dissertation (Master's degree in Animal Science).

The objective of this study was the genetic evaluation of the growth of quails using random regression models. The data used come from 28.076 observations measured in 4507 quails of a female line (LF1) belonging to the Quail Breeding program of the Animal Science Department of the University of the Jequitinhonha and Mucuri Valleys in Diamantina, MG. The characteristic of quails body weight of was measured at birth, 7, 14, 21, 28, 35 and 42 days years old. The analysis were made using random regression models, where six different classes of residual variance, heterogeneous or homogeneous, were considered, according to different age groups: Class 1: homogeneous residual variance, Class 2: heterogeneous residual variance in two periods, Class 3: heterogeneous residual variance into three periods: Class 4: heterogeneous residual variance in four periods, Class 5: heterogeneous residual variance in five periods, and Class 6: heterogeneous residual variance in six periods. Each class was tested with different orders of fit to Legendre polynomial functions, which ranged from second to sixth order, to determine which model (class of variance heterogeneity with the Legendre polynomial order) presented the best fit to describe (co)variances structures as a function of time (age of the quail). According to all five criteria (AIC - Akaike information criterion, BIC - Bayesian information criterion of Schwarz and LRT - likelihood ratio test), the model with six classes of residual variances and the sixth-order of Legendre polynomial, presented the best fit, given by the lowest values of AIC and BIC, as well as significant LRT. It was found that with increasing age of the quail, all variances tended to increase. The estimate of additive genetic variance increased from birth to 35 days old, showing a slight drop from 35 to 42 days. The estimated heritability was decreasing along the growth curve, ranging from 0.51 (one day) to 0.16 (42 days). The estimative of genetic correlations and permanent animal environment among weights in several ages have always been high and positive, except for birth weight. For study of the growth of quails it is recommended the use of six classes (one for each week of age) of variance heterogeneity, with the use of Legendre polynomials of sixth order.

Keywords: *Coturnix coturnix coturnix*, variance heterogeneity, genetic parameters, Legendre polynomials

SUMÁRIO

| | |
|--|----|
| 1. INTRODUÇÃO..... | 10 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA | 12 |
| 2.1.Melhoramento de codornas de corte | 12 |
| 2.2.Avaliação de dados longitudinais..... | 15 |
| 2.3.Modelos para análises de dados longitudinais | 15 |
| 3. MATERIAL E MÉTODOS..... | 23 |
| 3.1. Dados | 23 |
| 3.2. Modelos e análises | 24 |
| 3.3. Parâmetros genéticos | 27 |
| 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 29 |
| 5. CONCLUSÕES | 37 |
| 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... | 38 |

1. INTRODUÇÃO

Um problema enfrentado na produção de codornas de corte é a falta de material genético nacional. A prática corrente é a reprodução do material genético de menor potencial produtivo disponível no mercado brasileiro, o que se torna um problema tanto para a produção de ovos quanto de carne, pois a coturnicultura fica dependente da importação de material genético de outros países.

Programas de melhoramento bem fundamentados são necessários para se obter material genético de qualidade, programas esses embasados em parâmetros genéticos acurados e precisos. Nesse sentido, os programas de melhoramento genético ganham destaque por sua importância na estimação de parâmetros genéticos, acompanhamento constante das características de importância econômica de cada linhagem e no estabelecimento de estratégias de seleção para a renovação de plantéis com animais de potencial genético superior, geração após geração.

O sucesso desses programas de melhoramento genético depende da precisão com que os indivíduos submetidos à seleção são avaliados. A magnitude de ganhos genéticos de um programa de seleção depende de diversos fatores. Um deles é a eficiência na identificação dos animais com maior valor genético aditivo nas características a serem consideradas no critério de seleção. Dessa forma, a utilização de modelos estatísticos que consigam incorporar todas as informações dos animais juntamente com a metodologia adotada é fundamental para incrementar a acurácia e a precisão da avaliação genética, as possibilidades de seleção e o melhoramento genético.

Dentre essas informações consideradas nos processos de avaliação genética e seleção na avicultura de corte, a taxa de crescimento é uma das mais importantes. Estudos envolvendo a característica peso corporal são bastante discutidos na literatura (WINTER *et al.* 2006; DIONELLO *et al.*, 2008; LEITE *et al.*, 2009; SILVA *et al.*, 2010; BONAFÉ *et al.*, 2011). Entretanto, em algumas espécies animais, dados de pesagens são difíceis de ser padronizados a uma determinada idade, dificultando o processo de avaliação genética.

A utilização de medidas repetidas feitas no mesmo animal ao longo do tempo vem recebendo maior interesse dos pesquisadores em melhoramento animal nos últimos anos. Característica repetida tem sido estudada mediante o emprego de funções de covariância, dentre as quais os modelos de regressão aleatória têm merecido maior atenção dos melhoristas (THOLON e QUEIROZ, 2008).

Em contraste com os modelos de características múltiplas, que estimam valores para um determinado ponto ou idade, os modelos de regressão aleatória permitem prever valores genéticos para o intervalo em que as medidas forem tomadas, além de permitir a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o parentesco existente entre os animais. Com isso, permitem melhor utilização dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para sua avaliação, com potencial aumento da acurácia de seleção (DIONELLO *et al.*, 2008).

Esses modelos de regressão aleatória permitem considerar diferentes estruturas de heterogeneidade de variância por meio da formação de classes de resíduo ao longo das idades de avaliação realizadas. A importância de se considerar a variância residual heterogênea reside no fato de que se pode melhorar a partição da variância total, o que proporciona a estimação de parâmetros e valores genéticos mais acurados. Entretanto, segundo El Faro e Albuquerque (2003), esse tipo de modelagem da variância residual pode aumentar o número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança. O número elevado de parâmetros no modelo, a estrutura de covariância e o fato de as matrizes de incidência serem mais densas que as dos modelos convencionais podem dificultar a convergência na estimação dos componentes de variância, sendo entraves para a utilização dessa metodologia para avaliações genéticas em situações com grande número de dados. Nesse sentido, busca-se a utilização de modelos mais parcimoniosos, sem perda da qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios considerados (SARMENTO, 2007).

Dessa forma, objetivou-se com este estudo comparar diferentes modelos de regressão aleatória, definidos a partir de diferentes classes de heterogeneidade de variância combinadas com diferentes ordens de polinômio de Legendre, para a estimação dos componentes de (co)variância e avaliação genética do codornas de corte.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Melhoramento de codornas de corte

A busca do consumidor por produtos de origem animal com alto teor de proteína e boa palatabilidade fez com que o crescimento da produção de codornas para corte alcançasse posição de destaque no mercado de carnes. O consumo de carne de codorna vem conquistando seu espaço também junto ao consumidor brasileiro e sua produção está cada vez mais se difundindo pelo país. Na maioria das regiões brasileiras, a carne de codorna é considerada um produto exótico, com boa aceitação e alto valor nutricional.

No Brasil, a prática da criação de codornas para produção de carne é uma atividade recente. A espécie mais difundida no país ainda é a *Coturnix coturnix japonica* (codorna japonesa), linhagem de baixo peso corporal, utilizada para produção de ovos (COSTA *et al.*, 2008). A produção de carne de codorna foi, por um longo período de tempo, caracterizada pelo abate de aves provenientes das criações destinadas à produção de ovos, quando os machos eram criados até os 42 a 49 dias de idade e, depois, abatidos. Em consequência, as carcaças obtidas eram muito pequenas, pesando entre 70 a 110g, e a carne das fêmeas era relativamente dura por se tratar de aves de aproximadamente um ano de idade (SILVA *et al.*, 2007). Entretanto, com a introdução da codorna européia no Brasil por volta de 1996, que atende aos requisitos para a produção de carne, a exploração para corte começou a se difundir.

Recentemente, produtores estão criando uma codorna especializada para abate: a *Coturnix coturnix coturnix*, também conhecida como codorna européia. Apesar de fenotipicamente serem bastante semelhantes à *Coturnix coturnix japonica*, as européias são maiores (peso vivo ao abate de 200 a 300g), possuem uma coloração marrom mais viva, têm temperamento nitidamente mais calmo (característico de animais destinados ao abate), tanto em gaiolas como em piso, e o peso e tamanho dos ovos são maiores, embora a idade de maturidade sexual seja praticamente a mesma da codorna de postura (REZENDE *et al.*, 2004).

Entretanto, na produção de codornas, o Brasil ainda não possui material genético nacional especializado, seja para a produção de ovos ou de carne, o que torna a coturnicultura uma atividade dependente da importação de material genético de outros países.

Para o desenvolvimento de uma linhagem de codornas de corte, são necessários programas de melhoramento bem fundamentados, que dependem do acompanhamento

constante das características de importância econômica em cada linhagem e das possibilidades de cruzamentos entre elas.

Para tanto, faz-se necessário estudar a estrutura genética de cada população a ser trabalhada, o que implica na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos de forma a orientar as decisões de seleção que serão tomadas a partir das avaliações genéticas realizadas com base nos dados coletados por meio de testes de desempenho.

As codornas para corte apresentam uma taxa de crescimento e peso final muito maior que as de postura, o que permite atingir peso ao abate em idade bastante precoce. A velocidade de crescimento das codornas se deve principalmente ao rápido crescimento nos primeiros estágios de vida. Mori *et al.* (2005) avaliaram o desempenho de quatro grupos genéticos de codornas de corte e constataram diferenças no peso corporal e ganho de peso aos 42 dias, indicando boa aptidão para produção de carne. Os autores ainda encontraram diferenças para porcentagem de pernas, dorso e carne de peito. As variabilidades existentes para as características de desempenho e rendimento de carcaças das linhagens estudadas permitem trabalho de seleção e melhoramento genético para a produção de carne de codornas.

O desempenho produtivo de quatro grupos genéticos também foi testado por Oliveira *et al.* (2005). Os autores não relataram diferenças entre os grupos genéticos, mas destacaram que as codornas introduzidas no Brasil para a produção de carne apresentam excelente aptidão para essa finalidade, independente do grupo genético, apresentando bom ganho de peso e peso corporal aos 49 dias de idade.

Almeida *et al.* (2002) avaliaram o efeito de duas linhagens (européia e japonesa) sobre o desempenho produtivo para o abate e constataram que a linhagem européia (*Coturnix coturnix coturnix*) apresentou melhor aptidão para corte, caracterizada por maior peso corporal, ganho de peso e melhor conversão alimentar com menor consumo de ração e utilização eficiente do alimento. Diversos autores encontraram diferenças de peso corporal, ganho de peso e rendimento de carcaça para codornas européias (FRIDRICH *et al.*, 2005; CORRÊA *et al.*, 2005; FREITAS *et al.*, 2006; CORRÊA *et al.*, 2007; CORRÊA *et al.*, 2008; COSTA *et al.*, 2008), quando o peso corporal aos 42 dias de idade variou entre 242 a 276 g. Para codornas japonesas (*Coturnix coturnis japonica*) encontram-se valores para peso corporal bem menores, variando entre 108 a 165 g (SILVA *et al.*, 2004; OLIVEIRA *et al.*, 2002b), o que evidencia o diferencial da linhagem de codorna criada para a produção de carne.

Além da importância da linhagem sobre o desempenho produtivo de codornas, o efeito do sexo também influencia o desempenho e as características de carcaça. Silva *et al.* (2007)

encontraram diferenças significativas em relação ao sexo, em que os machos apresentaram maior rendimento de carcaça (72,24 %) que a fêmeas, embora as fêmeas tenham apresentado maior peso vivo (247,92 g), o que é justificado pela maturidade sexual delas, e está relacionado com o peso do ovário e oviduto. Oliveira *et al.* (2002a) também avaliaram o desempenho produtivo de codornas de ambos os sexos e encontraram maior peso corporal para fêmeas (225,4g) e ressaltaram que essa superioridade pode estar relacionada com deposição de gordura. Outros autores também estudaram o efeito de sexo sobre o peso corporal de codornas e encontraram resultados semelhantes (OLIVEIRA *et al.*, 2005; SILVA *et al.*, 2007; CORRÊA *et al.*, 2008; VELOSO *et al.*, 2012).

Em programas de melhoramento, um dos objetivos principais é buscar animais com alto potencial genético para as características de interesse do mercado. Em codornas, dependendo do segmento de produção, as características de interesse serão diferentes. Melhorar a postura, a eclosão, o peso adulto e o consumo alimentar de matrizes são de interesse dos matrizeiros. Para o produtor, o interesse maior é com o crescimento, a eficiência alimentar e a viabilidade. Já para os abatedouros, o interesse é sobre o rendimento de carcaça, gordura, porcentagem de cortes nobres e defeitos na carcaça. E, finalmente, a aparência visual da carcaça e dos cortes nobres é de interesse do consumidor final.

O sucesso de um programa de melhoramento depende, em grande parte, da identificação dos animais com maior valor genético aditivo nas características a serem consideradas no critério de seleção. Com base no valor genético de cada indivíduo, pode-se identificar os melhores animais que serão utilizados como pais na próxima geração, visando, assim, quantificar a sua contribuição para o ganho genético. A eficiência de uma avaliação genética depende de inúmeros fatores, entre os quais se destacam o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e a metodologia adotada.

Nesse sentido, o uso de modelos de regressão aleatória (MRA) tem sido proposto como alternativa para modelar características de crescimento, que são medidas repetidas na vida dos animais, sendo consideradas como dados longitudinais. Os MRA podem ser chamados também de modelos de dimensão infinita por indivíduos e tais medidas são mais correlacionadas, quanto mais próximas entre si (EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003).

Dessa forma, a utilização de modelos estatísticos que consigam incorporar todas as informações dos animais juntamente com a metodologia adotada é fundamental para incrementar a acurácia, a precisão da avaliação genética e as possibilidades de seleção.

2.2. Avaliação de dados longitudinais

Segundo Tholon e Queiroz (2008), nos processos de avaliação genética e seleção na avicultura de corte, uma das características mais importantes é a taxa de crescimento. Estudos envolvendo a característica peso corporal são bastante discutidos na literatura. Entretanto, dados de pesagens são difíceis de serem padronizados a uma determinada idade, em algumas espécies animais, dificultando o processo de avaliação genética.

A característica peso corporal é uma das informações mais utilizadas em avaliações genéticas e processos de seleção. Os pesos corporais podem ser mensurados a intervalos regulares, permitindo que cada animal tenha várias medições de seu peso, o que caracteriza as chamadas medidas repetidas ou dados longitudinais. De acordo com Sarmiento *et al.* (2006), essa terminologia tem sido utilizada para caracterizar um conjunto de observações provenientes de várias medições tomadas no mesmo indivíduo ao longo do tempo, como pesos corporais de um animal medidos em várias idades.

Considerando-se que o fenótipo de um animal é a soma de seus efeitos fixos e aleatórios, a magnitude desses efeitos, bem como os parâmetros a ele atribuídos, também se modificam à medida que o animal fica mais velho. O peso corporal dos animais pode ser representado por um conjunto potencialmente infinito de pontos em diferentes idades, altamente correlacionados, que se modificam gradualmente até atingir um platô. O desafio é condensar essas informações em um conjunto de dados manipuláveis de parâmetros com significado biológico (ARANGO *et al.*, 2004).

Diversos modelos têm sido propostos para a avaliação de dados dessa natureza, os quais modelos permitem a obtenção dos valores genéticos dos animais avaliados com base nas equações de modelos mistos. 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).

2.3. Modelos para análises de dados longitudinais

a) Modelo de repetibilidade

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. Entretanto, esse modelo pressupõe que todas as variâncias, genéticas e não genéticas, não variam ao longo do tempo, ou seja, as correlações entre as medidas são iguais à unidade (SARMENTO, 2007).

O modelo em notação matricial é descrito como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + \varepsilon$$

em que y é o vetor das observações, b é o vetor dos efeitos fixos, a é o vetor dos valores genéticos aditivos, p é o vetor de efeitos de ambiente permanente dos animais que possuem observações e ε é o vetor dos resíduos. As matrizes X , Z_1 e Z_2 são matrizes de incidência que associam observações a níveis particulares dos efeitos fixos e aleatórios genéticos aditivos e de ambiente permanente de animal, respectivamente.

Nesse modelo, o valor genético aditivo do animal é constante para todas as idades, bem como o valor do efeito permanente de ambiente. O modelo de repetibilidade permite prever não apenas o valor genético dos animais, mas também os efeitos ambientais temporários (SILVA, 2008).

b) Modelo de características múltiplas

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 face às limitações computacionais (SARMENTO, 2007).

De acordo com Silva (2008), um modelo simples pode ser representado da seguinte maneira, para uma característica i :

$$y_i = X_i b_i + Z_i a_i + \varepsilon_i,$$

em que y_i é o vetor de observações; b_i , vetor de efeitos fixos; a_i , vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos; ε_i , vetor de resíduos; X_i e Z_i são matrizes de incidência de b_i e a_i ; cada um deles atribuídos especificamente à característica i , $i = 1, \dots, t$.

Nesse modelo, as covariâncias entre as medidas nas diferentes idades variam e as correlações podem ser diferentes da unidade, ou seja, as correlações são levadas em consideração na análise, mas não é feita qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias (SARMENTO, 2007).

c) Modelo de regressão aleatória

Nos modelos gerais de regressão (simples ou múltipla), as covariáveis ou variáveis independentes na realidade não são variáveis, mas sim constantes, ou seja, em hipotéticas

amostragens repetidas os valores dessas covariáveis permanecem constantes. Nesses modelos, os coeficientes de regressão são fixos, ou seja, os mesmos coeficientes de regressão estão associados a todos os indivíduos da população. Por outro lado, existem modelos em que diferentes coeficientes de regressão são associados aos diferentes indivíduos da população, de forma que, se os indivíduos são efeitos aleatórios, os coeficientes de regressão associados a esses indivíduos devem ser tratados também como efeito aleatório. Esses modelos são denominados modelos de regressão aleatória (RESENDE *et al.*, 2001).

Os modelos de regressão aleatória (MRA) permitem a predição de coeficientes de regressão que representam o comportamento do valor genético aditivo de cada animal na característica avaliada 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 esse motivo, o modelo não exige utilização de fatores de ajuste para idades consideradas como padrão e permite uma melhor utilização dos dados disponíveis, já que todas as informações do animal e de seus parentes são utilizadas (SILVA, 2008).

O uso de modelos de regressão aleatória tem sido proposto como alternativa para modelar características de crescimento, que são medidas repetidas na vida dos animais, sendo consideradas como dados longitudinais. Os MRA também são chamados de modelos de dimensão infinita por indivíduos e tais medidas são tão mais correlacionadas quanto mais próximas entre si (EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003).

Em contraste com os modelos de características múltiplas, que estimam valores para um determinado ponto ou idade, os modelos de regressão aleatória permitem predizer valores genéticos para o intervalo em que as medidas forem tomadas, além de permitir a estimação de curvas de crescimento individuais, considerando o parentesco existente entre os animais. Com isso, permitem melhor utilização dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para sua avaliação, com potencial aumento da acurácia da seleção (DIONELLO *et al.*, 2008).

Um modelo básico de regressão em notação matricial descrito por Silva (2008), considerando que a relação entre uma dada característica e a idade seja quadrática pode ser ajustado da seguinte forma:

$$y = Xb + Z_1a + Z_1p + Z_2e + \varepsilon$$

em que y é o vetor de pesos em diferentes idades para os diferentes indivíduos avaliados; b é o vetor de coeficientes de regressão fixos do modelo; a é o vetor dos coeficientes de

regressão aleatórios atribuídos aos efeitos genéticos aditivos; β é o vetor dos coeficientes de regressão aleatórios atribuídos aos efeitos ambientais permanentes do animal; γ é o vetor dos coeficientes de regressão aleatórios atribuídos aos efeitos residuais, X é a matriz contendo as covariáveis para os fatores fixos do modelo; Z_1 é a matriz de covariáveis relativas ao efeito genético aditivo e ambiental permanente; Z_2 é a matriz de covariáveis relativas ao efeito residual, e ϵ é o vetor dos efeitos residuais para o modelo de regressão geral.

Os MRA acomodam registros repetidos de características que mudam gradualmente ao longo do tempo, não requerendo pressuposições sobre a constância de variância e correlações (MEYER, 2000), e têm sido utilizados no melhoramento animal para modelar registros diários para a produção de leite durante a lactação de bovinos leiteiros (EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003; COSTA *et al.*, 2005), assim como no crescimento corporal de bovinos de corte (MEYER, 1999; MEYER, 2001; MERCADANTE *et al.*, 2002; VALENTE *et al.*, 2008) e ovinos (SARMENTO *et al.*, 2006), além de vários outros estudos em outras espécies de interesse zootécnico.

A eficiência dos MRA foi constatada por Meyer (2004) em estudos de avaliação genética de bovinos de corte em crescimento pela implementação de um modelo de regressão aleatória, quando a acurácia da avaliação genética melhorou com a substituição do modelo de características múltiplas pelos modelos de regressão aleatória. Nesse estudo, a autora ressalta que os modelos de regressão aleatória são uma alternativa óbvia e preferencial, que não só remove os limites atuais sobre os registros por animal como também elimina a necessidade de correção para a idade, fornecendo estimativas do mérito genético do animal para qualquer idade.

Sarmento *et al.* (2006), em um trabalho sobre avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês, utilizando modelos de regressão aleatória, relataram que os valores genéticos preditos mostraram-se mais adequados que os estimados pelo modelo bicaracterística, indicando que a regressão aleatória é uma metodologia poderosa para determinar o mérito genético dos animais. Nesse estudo, os autores relatam que o uso dos MRA para a estimação dos parâmetros genéticos e predição do valor genético dos animais apresentou maior acurácia que os modelos bicaracterística.

Dias *et al.* (2006) utilizaram modelos de regressão aleatória para estimar parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para bovinos da raça Tabapuã e observaram que os modelos de regressão aleatória mostraram-se adequados para descrever as mudanças na variância dos pesos no período estudado. Os autores relataram que os valores de

herdabilidade para efeito aditivo direto decresceram do nascimento (0,28) até próximo a desmama (0,21), por volta dos 240 dias de idade e, após essa idade, apresentaram tendência de aumento, atingindo 0,24 aos 550 dias de idade, o que comprova as mudanças na variância ao longo do crescimento do animal. Também utilizando regressão aleatória, Cyrillo *et al.* (2003) encontraram baixos valores de herdabilidade para peso ao nascimento (0,09) e observaram diminuição nas estimativas de herdabilidade direta dos 35 dias (0,44) aos 210 dias de idade (0,22), voltando a aumentar até os 378 dias de idade (0,40) para bovinos da raça Nelore.

Em codornas, as estimativas de herdabilidade têm variado bastante segundo a literatura. Adeogun e Adeoye (2004), em trabalho realizado com codornas de postura, estimaram herdabilidade de 0,43 a 0,95 para peso corporal. Resultados semelhantes também foram encontrados por Narinc *et al.* (2010), que relataram herdabilidade entre 0,42 e 0,62 para o peso corporal em codornas japonesas. Vali *et al.* (2005), ao estimarem parâmetros genéticos para codornas japonesas, encontraram herdabilidades para os pesos corporais aos 35, 42, 49 e 63 dias de idade de 0,29, 0,24, 0,11, 0,12, respectivamente.

Em estudos sobre a trajetória genética do crescimento de codornas de corte de dois grupos genéticos utilizando modelos de regressão aleatória, Dionello *et al.* (2008) encontraram, para o grupo genético EV1, herdabilidades para os pesos a 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade de 0,01, 0,05, 0,18, 0,28, 0,38, 0,45 e 0,50, respectivamente. Enquanto que para o grupo EV2, os valores para os mesmos pesos foram de 0,01, 0,01, 0,02, 0,01, 0,01, 0,04, e 0,10. Os autores relataram que o grupo genético EV1 apresentou maior variabilidade genética e a herdabilidade aumentou ao longo do período de crescimento, indicando que a seleção dentro do grupo genético EV1 para peso poderia ser realizada com sucesso.

Akbas *et al.* (2004) usaram modelos de regressão aleatória para estimar parâmetros genéticos semanais para codornas e encontraram estimativas de herdabilidades de 0,07, 0,39, 0,45, 0,58, 0,61, 0,55, e 0,44 de 1 a 42 dias. O maior valor de herdabilidade (0,61) foi obtido para peso aos 28 dias de idade. Os autores encontraram aumento linear nos valores de herdabilidade até os 28 dias com ligeira queda nas idades posteriores. Esse resultado demonstra que houve mudanças nas variâncias genéticas ao longo do tempo.

Santos *et al.* (2008) analisaram a sensibilidade de valores genéticos de codorna de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína nas dietas e encontraram maiores valores de herdabilidade para peso aos 42 dias de idade, o que indica que ocorre crescimento na porção da variância fenotípica, que é atribuída à variância genética aditiva direta em idades

mais avançadas. Os autores ainda relataram que resposta à seleção ocorre de maneira mais intensa quando se utiliza o valor genético de peso no 42º dia de idade.

Vários trabalhos têm sido desenvolvidos por meio de regressão utilizando os polinômios de Legendre e os valores das idades padronizadas de -1 a 1. Queiroz *et al.* (2004) compararam valores genéticos preditos para características de crescimento em bovinos Guzerá, por modelos de regressão aleatória sob polinômios de Legendre e modelos de característica única padrão, e obtiveram correlações variando entre 0,25 e 0,48, sugerindo diferença na ordem de classificação dos animais quando os dois modelos são comparados. Os autores concluíram que os melhores animais escolhidos pelo modelo de regressão aleatória apresentaram classificação diferente daqueles destacados pelas análises de característica única.

Araújo *et al.* (2006), ao estudarem funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia do controle por meio de modelos de regressão aleatória, encontraram estimativas de herdabilidade que oscilaram de 0,12 a 0,29. Os autores destacam que o modelo de regressão aleatória que utilizou a maior ordem para os polinômios de Legendre descreveu melhor a variação genética da produção de leite, de acordo com os critérios de Akaike (AIC). Nesse estudo, os autores concluíram ainda que o efeito aleatório de ambiente permanente apresentou maior variabilidade no início e no final da lactação, demonstrando que essa variância não é constante ao longo da trajetória de lactação. Assim, ao ajustar uma função de covariância para esse efeito, é possível separar mais eficientemente a variação de efeitos genéticos e não genéticos, refletindo em estimativas de herdabilidades mais acuradas.

Cobuci *et al.* (2004), ao estimarem herdabilidade para produção de leite no dia do controle de vacas da raça Holandesa, utilizando regressão aleatória, utilizaram polinômios de Legendre de ordens 3, 4 e 5 para modelar curvas fixas da regressão associadas aos efeitos genéticos aditivos e permanentes de ambiente e encontraram valores de herdabilidade que variaram de 0,15 a 0,24 (ordem 3), 0,14 a 0,26 (ordem 4) e 0,11 a 0,27 (ordem 5). Os autores concluíram que os modelos de ordem 4 e 5 produziram estimativas de herdabilidade bastante semelhantes e com menores variações ao longo da lactação. Além disso, o modelo de ordem 4 requer menor esforço computacional.

Entretanto, Santoro *et al.* (2005), ao estudarem funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos Nelore, encontraram correlações genéticas baixas entre os pesos nas idades iniciais e o peso nas idades finais. Os autores salientam que o uso de funções de covariância por meio de regressão aleatória, utilizando-se polinômios de Legendre, foi adequado para a descrição dos componentes de variância genética, porém deve-se ter cautela

em seu uso, pois ainda há dúvidas quanto ao correto grau de ajuste a ser aplicado ao polinômio.

Outro conceito importante, sempre mencionado quando se trata de modelos de regressão aleatória, diz respeito às funções de covariância. Segundo Meyer (1998), as funções de covariância têm sido reconhecidas como uma alternativa adequada ao convencional modelo misto de características múltiplas para descrever variâncias genéticas e fenotípicas de dados longitudinais. Van Der Werf e Schaeffer (1997) definiram a FC como sendo uma função contínua que fornece as (co)variâncias de características medidas em diferentes pontos de uma trajetória, descrevendo a covariância entre medidas tomadas em determinadas idades como uma função dessas idades.

O grande interesse em relação às funções de covariância para a modelagem de dados longitudinais é que elas permitem descrever mudanças graduais das covariâncias com o passar do tempo, e prever variâncias e covariâncias para pontos ao longo de uma trajetória, mesmo que haja pouca ou nenhuma informação entre os pontos (EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003) e podem ser obtidas por matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão estimados por meio de modelos de regressão aleatória (MEYER, 1998).

Segundo El Faro e Albuquerque (2003), os MRA, utilizando as funções de covariância, também permitem considerar a heterogeneidade de variâncias residuais no dia controle. Essa modelagem pode melhorar a partição da variância total, o que proporciona aumento da acurácia na estimação de parâmetros e valores genéticos, maximizando a resposta à seleção.

Alguns autores têm demonstrado a necessidade de se utilizar heterogeneidade de variância em modelos de regressão aleatória em bovinos leiteiros (EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003), em bovinos de corte (MEYER, 2000 e DIAS *et al.*, 2006), em caprinos Anglo-Nubianos (SOUSA *et al.*, 2008), em caprinos leiteiros (SARMENTO *et al.*, 2008), em crescimento de codornas de corte (BONAFÉ, 2008) e em sensibilidade de genótipos de codornas de corte (FELIPE, 2010).

Em suma, as funções de covariância são utilizadas para características que apresentam alterações ao longo tempo e podem ser mensuradas em uma trajetória, sendo chamadas de “dimensão infinita”, como, por exemplo, as características peso corporal, lactação, produção de ovos e sobrevivência. Além disso, as funções de covariância permitem a modelagem de estruturas de variância e covariância para as características descritas, são capazes de prever a estrutura de covariâncias em um ponto ao longo de uma escala contínua (tempo), dão flexibilidade para mensurações ao longo da trajetória sem ter que corrigir para uma idade

padrão e analisam padrões de covariância associados a determinadas alterações da característica ao longo da trajetória (VAN DER WERF e SCHAEFFER, 1997).

De um modo geral, encontram-se vários trabalhos na literatura que utilizaram os modelos de regressão aleatória; entretanto, a maioria dos trabalhos está relacionada principalmente com a produção de bovinos leiteiros e bovinos de corte, sendo necessário o emprego dessa metodologia em outras espécies de interesse zootécnico, como em estudo de características de crescimento de codornas de corte, para as quais foram encontrados poucos estudos, buscando esclarecer a ordem necessária de ajuste das funções polinomiais para os diferentes modelos aleatórios e a melhor estrutura de variância para modelar os resíduos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Caracterização dos dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de uma linhagem fêmea de codornas de corte (*Coturnix coturnix coturnix*) denominada LF1, pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Codornas do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, em Diamantina/MG. Para as análises, foram utilizados 28.076 registros de peso corporal mensurados a cada sete dias (nascimento, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade), provenientes de 4.507 codornas de corte e 4.681 animais na matriz de parentesco, coletados no período de junho de 2010 a maio de 2011. Foram totalizadas três gerações a partir da população base, sendo a primeira geração com 793, a segunda com 2.189 e a terceira com 1.528 aves.

Foram consideradas para as análises codornas com no mínimo três registros de peso, pertencentes a 174 grupos contemporâneos, constituídos por geração, eclosão e sexo; com no mínimo 20 codornas por subclasse.

As codornas foram criadas do nascimento ao 42º dia de idade em boxe com piso de concreto e cama de maravalha, com campânulas de aquecimento. As aves receberam ração e água à vontade, sendo que do nascimento ao 21º dia a ração continha 25% PB e 2900 kcal de EM/kg e do 22º ao 42º dia a ração foi formulada contendo 24% de PB e 2925 kcal de EM/kg, segundo informações de exigências nutricionais da literatura (OLIVEIRA *et al.*, 2002a; FRIDRICH *et al.*, 2005; CORRÊA *et al.*, 2007; VELOSO *et al.*, 2010; VELOSO *et al.*, 2012). No 35º dia de idade foi realizada seleção para peso corporal de 210 fêmeas e 105 machos, as quais foram transferidas para gaiolas individuais no 42ª dia de idade para constituir-se a geração seguinte e assim sucessivamente.

As codornas selecionadas permaneceram em gaiolas individuais de arame galvanizado (95 cm de comprimento, 28,5 cm de largura e 21,5 cm de altura) e aparador de ovos (15,5 cm à frente das gaiolas). Os comedouros, de chapa galvanizada, foram localizados do lado externo das gaiolas e os bebedouros, do tipo “nipple”, colocados entre as fileiras de gaiolas, sendo um “nipple” para cada duas gaiolas individuais.

A coleta dos ovos para a incubação teve duração de sete dias, com completa identificação dos pais, mantida durante a incubação, transferência e eclosão. Ao nascimento, as codornas foram identificadas individualmente, pesadas e transferidas para boxe com piso de cimento, recobertos com cama de maravalha, com campânulas de aquecimento, repetindo-se todo o ciclo a cada geração.

Na primeira geração foram realizadas três eclosões, com um total de 793 aves, na segunda geração foram cinco eclosões, com um total de 2.189 aves, e na terceira geração foram quatro eclosões, que totalizaram 1.528 aves. As eclosões de uma mesma geração foram realizadas a cada sete dias, sendo que todas as codornas receberam as mesmas práticas de manejo descritas anteriormente.

O peso corporal individual para todas as gerações foi avaliado ao nascimento, aos 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade (Tabela 1).

Tabela 1 - Peso corporal para codornas de corte ao nascimento, aos 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade

| Idade | Nº de observações | Média | Desvio padrão |
|-------|-------------------|--------|---------------|
| P0 | 2973 | 8,86 | 0,9015 |
| P7 | 2946 | 24,11 | 4,6951 |
| P14 | 2905 | 56,96 | 12,5365 |
| P21 | 2753 | 102,81 | 21,8042 |
| P28 | 2649 | 156,67 | 30,5453 |
| P35 | 2572 | 206,44 | 28,8703 |
| P42 | 2266 | 240,27 | 28,5419 |

3.2. Modelos e análises

Os pesos corporais foram analisados por meio de modelo animal em regressão aleatória. As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, cujas idades foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre. Os modelos ajustados por funções de diferentes ordens (2ª, 3ª, 4ª, 5ª e 6ª ordem) para os efeitos aleatórios podem ser representados como segue:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=1}^{k_g-1} \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^{k_p-1} \rho_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ij} é o peso corporal no dia j da codorna i ; F refere-se a um conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (174 subclasses); β_m é o coeficiente de regressão fixo do peso sobre o polinômio de Legendre m , com k_g , ordem do polinômio para a curva média, variando de dois a seis ($k_g = 2, 3, \dots, 6$) para modelar a curva média de crescimento da população; α_m e ρ_m são os coeficientes de regressão genético aditivo e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para a codorna i ; k_a e k_p são as ordens de ajuste dos polinômios de Legendre; ϕ_m é a função polinomial de Legendre da idade padronizada m ($-1 < \text{idade} < 1$); e ε_{ij} denota o efeito aleatório residual.

Na forma matricial, o modelo anterior pode ser descrito como:

$$y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2p + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ \alpha \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var}(\alpha) = k_a \otimes A; \text{Var}(p) = k_p \otimes I_{N_d}; \text{Var}(e) = R$$

em que y é um vetor de N observações referentes a N_d animais; β é um vetor que contém os efeitos fixos, que inclui os coeficientes de regressão fixos para modelar a trajetória média da população; α é um vetor $k_a \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos, em que N_d representa o número total de animais na matriz de parentesco (4.681); p é um vetor $k_p \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente de animal; e é um vetor de erros aleatórios; X , Z_1 e Z_2 referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos e ambiente permanente de animal, respectivamente; k_a e k_p são as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos e ambiente permanente de animal, respectivamente. A é a matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; I_{N_d} é uma matriz identidade de dimensão N_d ; \otimes é o operador produto direto e R representa uma matriz diagonal, contendo as variâncias residuais.

Adicionalmente foi considerado que:

$$A_b$$

;

em que $\sigma_{A_{bk}}^2$ é a variância genética aditiva para o coeficiente de regressão de ordem k ; demais termos são as covariâncias genéticas aditivas entre os coeficientes de regressão.

;

em que $\sigma_{P_{bk}}^2$ é a variância de ambiente permanente de animal para o coeficiente de regressão de ordem k ; demais termos são as covariâncias de ambiente permanente de animal entre os coeficientes de regressão.

O sistema de equações de modelo misto utilizado para obter estimativas de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios foi:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z'_1R^{-1}X & Z'_1R^{-1}Z_1 + A^{-1} \otimes K_a^{-1} & Z'_1R^{-1}Z_2 \\ Z'_2R^{-1}X & Z'_2R^{-1}Z_1 & Z'_2R^{-1}Z_2 + I \otimes K_c^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} B \\ \alpha \\ \delta \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'_1R^{-1}Y \\ Z'_2R^{-1}Y \end{bmatrix}$$

Na modelagem da variância residual foram consideradas classes de variância residual de homogênea a heterogênea, segundo diferentes idades, sendo: Classe 1: variância residual homogênea (1 a 42 dias de idade); Classe 2: variâncias heterogêneas em dois períodos diferentes (1 a 7 dias e 8 a 42 dias de idade); Classe 3: variâncias heterogêneas em três períodos (1 a 7, 8 a 14 e 15 a 42 dias de idade); Classe 4: variâncias heterogêneas em quatro períodos (1 a 7, 8 a 14, 15 a 21 e 22 a 42 dias de idade); Classe 5: variâncias heterogêneas em cinco períodos (1 a 7, 8 a 14, 15 a 21, 22 a 28 e 29 a 42 dias de idade); e Classe 6: variâncias heterogêneas em seis períodos (1 a 7, 8 a 14, 15 a 21, 22 a 28, 29 a 35 e 36 a 42 dias de idade), com um total de seis diferentes classes de heterogeneidade de variância para serem utilizadas nas análises dos dados. Cada uma das seis classes foi combinada com todas as diferentes ordens de ajuste do polinômio de Legendre (2ª, 3ª, 4ª, 5ª e 6ª ordem), resultando em 30 modelos a serem testados (Tabela 2).

Tabela 2 – Identificação dos modelos resultantes das diferentes combinações entre classes de heterogeneidade de variância e ordem de ajuste do polinômio de Legendre

| Heterogeneidade de Variância | Ordem do polinômio de Legendre | | | | |
|---------------------------------|--------------------------------|----|----|----|----|
| | 2ª | 3ª | 4ª | 5ª | 6ª |
| Classe 1 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 |
| Classe 2 | 22 | 23 | 24 | 25 | 26 |
| Classe 3 | 32 | 33 | 34 | 35 | 36 |
| Classe 4 | 42 | 43 | 44 | 45 | 46 |
| Classe 5 | 52 | 53 | 54 | 55 | 56 |
| Classe 6 | 62 | 63 | 64 | 65 | 66 |

A comparação entre os modelos foi feita pelo Logaritmo da função de verossimilhança ($\log_e L$), teste da razão de verossimilhança, Critério de Informação de Akaike ($AIC = -2\log_e L + 2p$) e o Critério de Informação Bayesiano de Schwarz ($BIC = -2 \left[\log_e L + p \left(\frac{\log_e L}{N-r} \right) \right]$) em que p refere-se ao número de parâmetros do modelo, N é o número total de observações, r é o posto da matriz de incidência para os efeitos fixos, e $\log_e L$ é o logaritmo da função de verossimilhança. O teste de razão de verossimilhança (LRT) foi realizado adotando 1% de probabilidade, sendo a estatística do LRT obtida pela expressão: $LRT_{ij} = 2\log_e L_i - 2\log_e L_j$, em que $\log_e L_i$ é o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo i e $\log_e L_j$ o máximo da função de

verossimilhança para o modelo reduzido. A estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com d graus de liberdade e nível de significância de 1%, sendo d a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido.

Segundo El Faro e Albuquerque (2003), os teste AIC e BIC permitem comparação entre modelos não aninhados e penalizam modelos com maior número de parâmetros, sendo que para BIC essa penalidade é mais rigorosa, tendendo a favorecer modelos mais parcimoniosos. Menores valores para AIC e BIC e maiores valores para $\text{Log}_e L$ indicam melhor ajuste.

3.3. Parâmetros genéticos

As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos e ambiente permanente de animal, conforme o melhor modelo ajustado segundo os critérios descritos anteriormente, foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o programa Wombat (MEYER, 2006).

Após a estimação dos componentes de (co)variância necessários para a obtenção das soluções do sistema de equações do modelo misto, as estimativas das matrizes G e P, ambas de dimensão 6x6, tornam-se conhecidas, sendo possível, por meio das funções de covariância, representar a estrutura de (co)variâncias dos efeitos em todo intervalo considerado. Com as variâncias estruturadas, pode-se estimar os valores de variância ou covariâncias para qualquer ponto ou combinação de pontos do intervalo de idades considerados, bem como determinar herdabilidades e correlações.

As estimativas de (co)variâncias para os efeitos genéticos aditivos e ambiente permanente de animal para o peso no dia t foram obtidas por:

$$\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 = Z'_{t_i} \hat{R}_a Z_{t_i};$$

$$\hat{\sigma}_{p_{t_i}}^2 = Z'_{t_i} \hat{R}_p Z_{t_i}$$

$$\hat{\sigma}_{a_{t_i t_j}} = Z'_{t_i} \hat{R}_a Z_{t_j}; \text{ e}$$

$$\hat{\sigma}_{p_{t_i t_j}} = Z'_{t_i} \hat{R}_p Z_{t_j};$$

Para todas as estimativas $i=1, \dots, 42$ e $j= 1, \dots, 42$.

A herdabilidade direta do peso dos animais pode ser estimada para qualquer idade do intervalo considerado na análise com base nas funções de covariância. A herdabilidade direta

representa a fração da variância fenotípica explicada pela variância do valor genético aditivo dos indivíduos avaliados e foi obtida como segue:

$$h_{t_i}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2}{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{p_{t_i}}^2 + \hat{\sigma}_{e_{t_i}}^2}$$

As correlações genéticas e de ambiente permanente entre os pesos nos diferentes dias de pesagem, t_i e t_j foram estimadas por:

$$r_{a_{t_i}t_j} = \frac{\hat{\sigma}_{a_{t_i}t_j}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{a_{t_i}}^2 \times \hat{\sigma}_{a_{t_j}}^2}} \text{ e } r_{p_{t_i}t_j} = \frac{\hat{\sigma}_{p_{t_i}t_j}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{p_{t_i}}^2 \times \hat{\sigma}_{p_{t_j}}^2}}$$

O valor genético para cada animal foi obtido como se segue:

$$VG = b_0 + b_1 t + b_2 t^2 + b_3 t^3 + b_4 t^4 + b_5 t^5$$

em que b_0 representa o intercepto e b_1, b_2, b_3, b_4 e b_5 os coeficientes de regressão linear, quadrático, cúbico, quártico e quántico, respectivamente, e t a idade da aves representada pelo polinômio de Legendre.

Avaliou-se o comportamento dos componentes de variância e parâmetros genéticos estimados ao longo da curva de crescimento em função do ajuste da variância residual.

A tendência genética do efeito aditivo para as gerações foi estimada pelo coeficiente de regressão linear dos valores genéticos médios dos animais pela aplicação do PROC REG do *software Statistical Analysis System* (SAS, 2002).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A modelagem da regressão aleatória por meio de funções polinomiais de Legendre requer a definição da melhor ordem de ajuste para cada efeito aleatório considerado no modelo de análise. Sendo assim, as ordens de ajuste das funções foram gradualmente aumentadas (ordens variando de 2 a 6) com o objetivo de determinar a ordem mínima para descrever as estruturas de covariâncias em função do tempo (Tabela 3).

Tabela 3 - Comparação de modelos pelo logaritmo da função de verossimilhança (Log L), critério de informação bayesiano (BIC), critério de informação de Akaike (AIC) e teste da razão de verossimilhança (LRT) para codornas de corte

| Heter. var. residual | Modelo ¹ | NP | Log L | BIC | AIC | LRT | |
|-------------------------|---------------------|----|------------|-------------|------------|---------|-------------------|
| | | | | | | Modelo | LRT _{ij} |
| Classe 1 | 12 | 7 | -94.681,79 | 189.435,291 | 189.377,59 | 13 - 12 | 4.218,12** |
| | 13 | 13 | -90.463,66 | 181.060,491 | 180.953,34 | 14 - 13 | 8.844,40** |
| | 14 | 21 | -81.619,29 | 163.453,676 | 163.280,58 | 15 - 14 | 1.971,50** |
| | 15 | 31 | -79.647,76 | 159.613,059 | 159.357,54 | 16 - 15 | 496,50** |
| | 16 | 43 | -79.151,22 | 158.742,893 | 158.388,46 | 26 - 16 | 7.614,58** |
| Classe 2 | 22 | 8 | -93.606,00 | 187.293,999 | 187.228,06 | 23 - 22 | 11.314,40** |
| | 23 | 14 | -82.291,60 | 164.726,605 | 164.611,21 | 24 - 23 | 9.737,20** |
| | 24 | 22 | -72.554,43 | 145.334,201 | 145.152,86 | 25 - 24 | 754,40** |
| | 25 | 32 | -71.800,07 | 143.927,917 | 143.664,15 | 26 - 25 | 263,40** |
| | 26 | 44 | -71.536,64 | 143.523,959 | 143.161,28 | 36 - 26 | 71,95** |
| Classe 3 | 32 | 9 | -93.603,69 | 187.299,574 | 187.225,39 | 33 - 32 | 12.874,02** |
| | 33 | 15 | -80.729,60 | 161.612,984 | 161.489,34 | 34 - 33 | 8.357,95** |
| | 34 | 23 | -72.371,72 | 144.979,025 | 144.789,44 | 35 - 34 | -268,94** |
| | 35 | 33 | -72.640,66 | 145.619,332 | 145.347,32 | 36 - 35 | 1.175,97** |
| | 36 | 45 | -71.464,68 | 143.390,288 | 143.019,37 | 46 - 36 | 33,68** |
| Classe 4 | 42 | 10 | -93.596,08 | 187.294,597 | 187.212,17 | 43 - 42 | 13.014,49** |
| | 43 | 16 | -80.581,58 | 161.327,057 | 161.195,17 | 44 - 43 | 8.266,07** |
| | 44 | 24 | -72.315,51 | 144.876,844 | 144.679,02 | 45 - 44 | 751,39** |
| | 45 | 34 | -71.564,12 | 143.476,491 | 143.196,24 | 46 - 45 | 133,12** |
| | 46 | 46 | -71.431,00 | 143.333,163 | 142.954,00 | 56 - 46 | 1,40** |
| Classe 5 | 52 | 11 | -93.513,73 | 187.140,139 | 187.049,47 | 52 - 53 | 12.945,13** |
| | 53 | 17 | -80.568,59 | 161.311,321 | 161.171,20 | 53 - 54 | 8.387,24** |
| | 54 | 25 | -72.181,35 | 144.618,767 | 144.412,70 | 54 - 55 | 622,42** |
| | 55 | 35 | -71.558,92 | 143.476,335 | 143.187,84 | 55 - 56 | 129,32** |
| | 56 | 47 | -71.429,59 | 143.340,59 | 142.953,18 | 66 - 56 | 11,73** |
| Classe 6 | 62 | 12 | -93.468,27 | 187.059,464 | 186.960,55 | 62 - 63 | 14.458,23** |
| | 63 | 18 | -79.010,04 | 158.204,456 | 158.056,09 | 63 - 64 | 6.833,13** |
| | 64 | 26 | -72.176,91 | 144.620,131 | 144.405,82 | 64 - 65 | 624,38** |
| | 65 | 36 | -71.552,52 | 143.473,792 | 143.177,06 | 65 - 66 | 134,67** |
| | 66 | 48 | -71.417,85 | 143.327,354 | 142.931,71 | -- | -- |

¹ definido conforme Tabela 2. NP= Número de parâmetros. ** Significativo a 1% de probabilidade.

Comparando-se os modelos quanto à ordem de ajuste dos polinômios ortogonais de Legendre, observaram-se melhores valores para o Log L, BIC e AIC com o aumento da

ordem da função. Pode-se observar na Tabela 3 que, para todas as classes de variâncias residuais estudadas, o modelo que utilizou o polinômio de Legendre de ordem seis foi o que apresentou os menores valores de BIC e AIC. De acordo com o Log L, a ordem mais alta do polinômio para os efeitos do modelo produziu valores significativos ($P < 0,01$) pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), o que indica que o modelo mais parametrizado (modelo 66 com 48 parâmetros) com $K_a=6$ para o efeito genético aditivo e $K_p=6$ para o efeito de ambiente permanente de animal proporcionou melhor ajuste aos dados. Recomenda-se, portanto, para o estudo da curva de crescimento de codornas de corte, quando se considera um total de sete pesagens, a utilização de seis classes de heterogeneidade de variância (uma para cada semana de vida) e adotar o polinômio de Legendre de sexta ordem (modelo 66).

Resultados semelhantes foram observados por Bonafé *et al.* (2011), que também encontraram melhor qualidade de ajuste dos dados com a utilização da função polinomial de Legendre de sexta ordem para a avaliação da curva de crescimento de codornas de corte. Akbas *et al.* (2004) verificaram 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.

Comparando-se a modelagem do resíduo entre as seis classes de heterogeneidade de variância residual consideradas, observaram-se aumentos no Log L, significativos ($P < 0,01$) pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), com o aumento do número de classes heterogêneas. Todos os modelos que consideraram as maiores quantidades de classes de heterogeneidade de variância residual se mostraram melhores do que aquele que considerou variância residual homogênea (Classe 1) dada pelo menor valor de BIC e AIC. Mudanças consideráveis nos valores do Log L, BIC e AIC e significativas ($P < 0,01$) pelo LRT ocorreram até o modelo Classe 6, sugerindo ser esse o melhor modelo.

Sarmiento (2007), ao estudar a curva de crescimento de ovinos Santa Inês, verificou que o modelo que considerou homogeneidade de variância residual mostrou-se inadequado, sendo que a modelagem da variância residual em cinco classes foi suficiente para proporcionar melhor qualidade de ajuste da variância aos dados. Bonafé (2008), trabalhando com curva de crescimento de codornas de corte, verificou que a variância residual dividida em sete classes proporcionou melhor ajuste, quando comparado com o modelo que considerou variância residual homogênea. Outros autores também ressaltaram a necessidade de se considerar heterogeneidade de variância residual em modelos para a avaliação da curva de crescimento (MEYER, 2000; SOUSA *et al.*, 2008), para a produção de leite no dia controle

(EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003; SARMENTO *et al.*, 2008;) e em estudos de sensibilidade de genótipos em codornas de corte (FELIPE, 2010).

Pode-se verificar que o coeficiente de regressão aleatória relativo ao intercepto (b_0) é o que apresenta maior variância em todos os efeitos aleatórios do modelo. Para os demais coeficientes, as variâncias foram diminuindo com o aumento da ordem da função (Tabela 4). As correlações entre o intercepto e o coeficiente linear foram positivas e altas para todos os efeitos aleatórios. Já a correlação entre o intercepto e os coeficientes quadráticos e cúbicos foi sempre negativa. Para os outros coeficientes, as correlações variaram entre positivas e negativas com valores pequenos ou próximos de um. Resultados semelhantes foram observados por Albuquerque e Meyer (2001), quando as autoras também encontraram maior valor de variância para o intercepto e correlações positivas entre os coeficientes de regressão relativos ao intercepto e ao linear, com valores moderados a altos.

Tabela 4 - Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória (b_0 a b_5) e os autovalores da matriz dos coeficientes para o modelo 66

| | b_0 | b_1 | b_2 | b_3 | b_4 | b_5 | Autovalor (%) |
|---|---------|---------|---------|--------|--------|--------|---------------|
| Efeito genético aditivo $K_a = 6$ | | | | | | | |
| b_0 | 204,570 | 0,8917 | -0,697 | -0,597 | 0,353 | 0,651 | 92,26 |
| b_1 | 92,419 | 52,509 | -0,406 | -0,745 | 0,029 | 0,639 | 5,65 |
| b_2 | -40,077 | -11,819 | 16,138 | 0,522 | -0,881 | 0,596 | 2,01 |
| b_3 | -20,099 | -12,698 | 4,939 | 5,529 | -0,276 | -0,787 | 0,06 |
| b_4 | 3,423 | 0,142 | -2,396 | -0,440 | 0,458 | 0,369 | 0,02 |
| b_5 | 4,035 | 2,072 | -1,037 | -0,801 | 0,108 | 0,187 | 0,01 |
| Efeito de ambiente permanente de animal $K_p = 6$ | | | | | | | |
| b_0 | 562,130 | 0,924 | -0,548 | -0,955 | 0,156 | 0,458 | 91,24 |
| b_1 | 330,260 | 226,950 | -0,237 | -0,940 | -0,132 | 0,149 | 7,99 |
| b_2 | -94,826 | -26,035 | 53,087 | 0,526 | -0,883 | -0,884 | 0,69 |
| b_3 | -90,638 | -56,705 | 15,338 | 16,016 | -0,193 | -0,409 | 0,06 |
| b_4 | 10,940 | -5,901 | -19,088 | -2,297 | 8,784 | 0,837 | 0,02 |
| b_5 | 14,269 | 2,958 | -8,4603 | -2,152 | 3,261 | 1,724 | 0,00 |

De acordo com os autovalores apresentados na Tabela 4, o intercepto explicou a maior proporção da variância para os efeitos aleatórios incluídos no modelo. Esse resultado

evidência que, mesmo sendo o modelo mais parametrizado (modelo 66) o melhor segundo os critérios de escolha (LRT, BIC e AIC) adotados neste estudo, os coeficientes de regressão de ordens superiores tendem a acrescentar menores proporções de variâncias para os efeitos aleatórios.

O modelo com heterogeneidade de variância residual (modelo 66) obteve estimativas de variâncias genéticas aditivas e fenotípicas numericamente superiores ao modelo de características múltiplas (Multi). A variância genética aditiva mostrou-se crescente até os 28 dias de idade, com ligeira queda até os 42 dias. O modelo de análise de características múltiplas obteve estimativas de variâncias residuais superiores ao modelo 66, no qual a diferença nas estimativas de variância entre os dois modelos oscilou ao longo da curva de crescimento (Tabela 5).

Tabela 5 - Estimativas de componentes de variâncias com heterogeneidade (modelo 66) de variâncias residuais e estimativas em análises de características múltiplas (Multi) para codornas de corte

| Comp. de var. | Modelo | Idade (dia) | | | | | | |
|------------------|--------|-------------|-------|--------|--------|----------|----------|----------|
| | | 1 | 7 | 14 | 21 | 28 | 35 | 42 |
| σ_a^2 | 66 | 0,39 | 15,45 | 62,72 | 156,52 | 246,22 | 240,37 | 189,09 |
| | Multi | 0,38 | 5,66 | 37,11 | 118,15 | 212,84 | 252,58 | 226,22 |
| σ_p^2 | 66 | 0,17 | 16,87 | 100,38 | 432,43 | 779,74 | 876,52 | 580,68 |
| σ_e^2 | 66 | 0,19 | 0,19 | 42,92 | 33,40 | 95,34 | 21,33 | 347,60 |
| | Multi | 0,36 | 13,22 | 90,98 | 260,44 | 464,91 | 583,46 | 632,57 |
| σ_f^2 | 66 | 0,75 | 32,52 | 206,03 | 622,36 | 1.121,31 | 1.138,23 | 1.117,37 |
| | Multi | 0,75 | 18,89 | 128,10 | 378,60 | 677,76 | 836,04 | 858,80 |

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_p^2 = variância de ambiente permanente de animal; σ_f^2 = variância fenotípica; σ_e^2 = variância residual.

As estimativas de variância de ambiente permanente de animal foram obtidas somente para o modelo com heterogeneidade residual. Pode-se observar que a variância de ambiente permanente de animal apresentou comportamento crescente ao longo da curva, apresentando ligeira queda na última semana. Valores semelhantes foram relatados por Bonafé (2008), cujas estimativas considerando heterogeneidade de variância oscilaram de 0,33 a 290,30 para a linhagem de codorna de corte UFV1 e 0,33 a 288,30 para a linhagem UFV2. Resultados

semelhantes também foram relatados por Akbas *et al.* (2004) em estudos com codornas de corte considerando homogeneidade de variância residual, em que a variância de ambiente permanente também aumentou com a idade.

Pode-se observar a partir da Figura 1 que, no decorrer da curva de crescimento, todas as variâncias apresentaram tendência de crescimento. As variâncias fenotípica e de ambiente permanente de animal apresentaram comportamento semelhante, quando aumentaram na primeira semana, diminuíram dos 7 aos 14 dias e voltaram a aumentar até os 35 dias de idade em razão do efeito de escala, já que os pesos aumentaram com a idade. Porém, a variância de ambiente permanente de animal apresentou menor magnitude. Resultados semelhantes foram encontrados por Akbas *et al.* (2004), Dionello *et al.* (2008) e Bonafé *et al.* (2011), em estudos com codornas de corte, quando ambas as variâncias também apresentaram tendência de aumento com a idade.

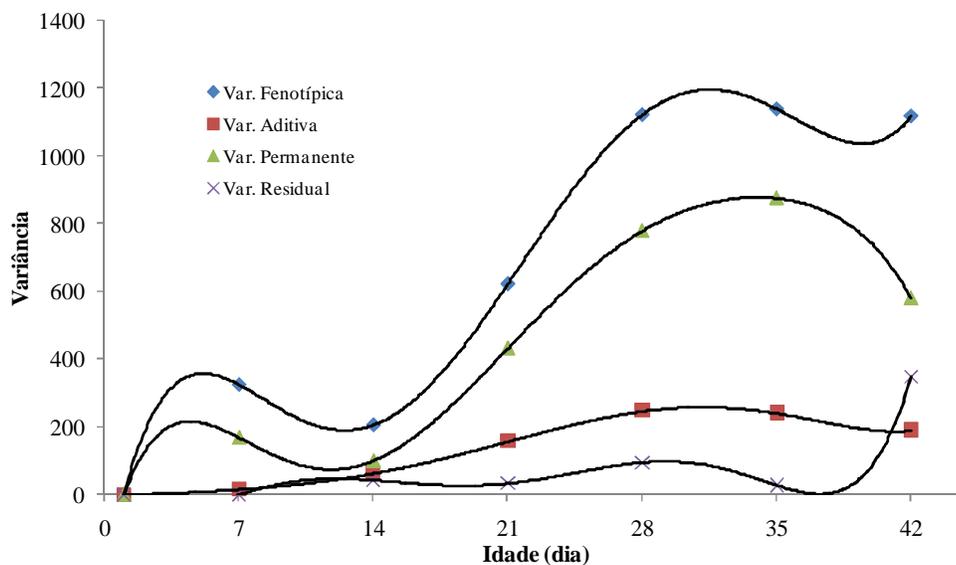


Figura 1 – Componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), ambiente permanente de animal (σ_{pe}^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) para o peso em função da idade de codornas de corte.

A estimativa de variância genética aditiva direta aumentou do nascimento até os 35 dias de idade, apresentando ligeira queda na última semana. A variância residual também apresentou tendência de queda aos 21 e 35 dias de idade, mas com comportamento crescente até os 42 dias. A queda da variância genética aditiva aos 42 dias pode ser relacionada a problemas de comportamento das aves na última fase de criação, na qual os animais tendem a

ficar mais agitados, as fêmeas entram na maturidade sexual e os machos desenvolvem comportamento competitivo, para determinar padrões de dominância social, como disputa por território, alimento e água. Esses fatores podem levar a um aumento da variância residual e possivelmente refletem na queda da variância genética aditiva.

As herdabilidades estimadas foram decrescentes ao longo da curva de crescimento, variando de 0,51 (1 dia) a 0,16 (42 dias). Esses resultados foram diferentes dos encontrados por Bonafé *et al.* (2011), que relataram herdabilidades variando ao longo da curva de crescimento. Segundo os autores, as herdabilidades foram decrescentes até os 14 dias, crescentes dos 14 aos 35 dias e decrescentes novamente após os 35 dias (Figura 2).

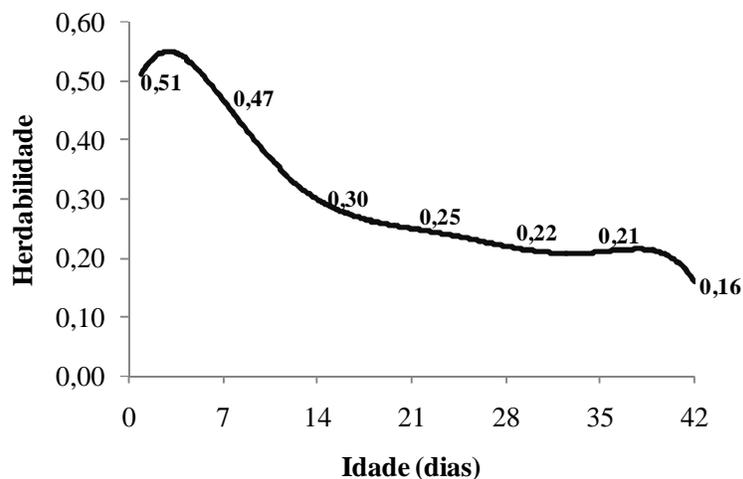


Figura 2 - Estimativas de herdabilidade ao longo da idade de codornas de corte da linhagem LF1.

De acordo com Akbas *et al.* (2004), as herdabilidades estimadas para peso corporal de codornas de corte foram crescentes até a 5ª semana (0,61) com ligeira queda na última semana (0,44), mantendo-se alta. Dionello *et al.* (2008) encontraram herdabilidades crescentes do nascimento (0,01) aos 42 dias (0,50) para a linhagem EV1, porém encontraram herdabilidades baixas (0,01 a 0,10) para a linhagem EV2.

Silva *et al.* (2010), em estudos com codornas de corte utilizando modelo de características múltiplas, também relataram estimativas decrescentes com o aumento da idade, que variaram de 0,43 aos 28 dias a 0,27 aos 147 dias de idade.

A tendência de queda da herdabilidade no período de 35 a 42 dias pode estar relacionada com o aumento da variância residual nas duas últimas semanas, o que proporcionou diminuição da variância genética aditiva relativa mais acentuada.

As estimativas de correlações genéticas (Tabela 6) entre os pesos nas várias idades foram altas e positivas, à exceção das correlações entre o peso ao nascer e os demais pesos corporais, o que sugere que seleção não deve ser realizada com base no peso ao nascimento. A partir do 7º dia de idade, todas as correlações genéticas entre os pesos corporais foram altas e positivas, indicando que já se pode admitir a seleção a partir dessa idade. A maior correlação genética (0,972) foi obtida entre 21 e 28 dias de idade, sugerindo que a seleção aos 28 dias pode ser eficiente, considerando que a correlação entre 28 e 35 dias de idade (idade de seleção) também foi alta (0,965).

Esses resultados são condizentes com os encontrados por Dionello *et al.* (2008) e Bonafé *et al.* (2011), que também relataram correlações genéticas altas a partir do 7º dia de idade.

Tabela 6 - Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente permanente de animal (abaixo da diagonal) entre os pesos nas idades estudadas para codornas de corte, para o modelo 66

| Idade | Idade (dias) | | | | | | |
|-------|--------------|------|------|------|------|------|------|
| | 1 | 7 | 14 | 21 | 28 | 35 | 42 |
| 1 | - | 0,35 | 0,32 | 0,32 | 0,35 | 0,39 | 0,44 |
| 7 | 0,27 | - | 0,91 | 0,76 | 0,65 | 0,60 | 0,64 |
| 14 | 0,34 | 0,64 | - | 0,94 | 0,85 | 0,77 | 0,69 |
| 21 | 0,26 | 0,46 | 0,96 | - | 0,97 | 0,89 | 0,75 |
| 28 | 0,22 | 0,42 | 0,90 | 0,96 | - | 0,96 | 0,83 |
| 35 | 0,19 | 0,36 | 0,70 | 0,79 | 0,92 | - | 0,93 |
| 42 | 0,19 | 0,36 | 0,69 | 0,78 | 0,91 | 0,99 | - |

As correlações de ambiente permanente de animal apresentaram-se, de um modo geral, semelhantes às correlações genéticas, o que evidencia a forte importância do efeito permanente entre os pesos corporais, indicando que fatores ambientais permanentes que influenciam em idades menores também podem influenciar o peso corporal em outras idades.

Pode-se observar que a tendência genética (Figura 3) ao longo das gerações apresentou comportamento crescente (1,2586g/geração) para o valor genético (VG) para peso corporal aos 35 dias de idade.

Um fato que pode explicar a queda do valor genético na segunda geração pode estar relacionado ao aumento no número de animais nascidos, uma vez que foram feitas cinco eclosões. Como reflexo, houve uma maior densidade de animais por lote, aumentando o

comportamento competitivo entre as aves. Com o aumento da idade, os animais ficaram mais agitados, tendendo a estabelecer hierarquia por alimento e território, o que pode ter levado a um aumento da variância residual, refletindo em queda do valor genético dos animais. Esse fato ajuda a evidenciar que indivíduos criados fora de uma condição ideal podem expressar seu potencial genético de forma diferente, que seria um caso clássico de interação genótipo x ambiente.

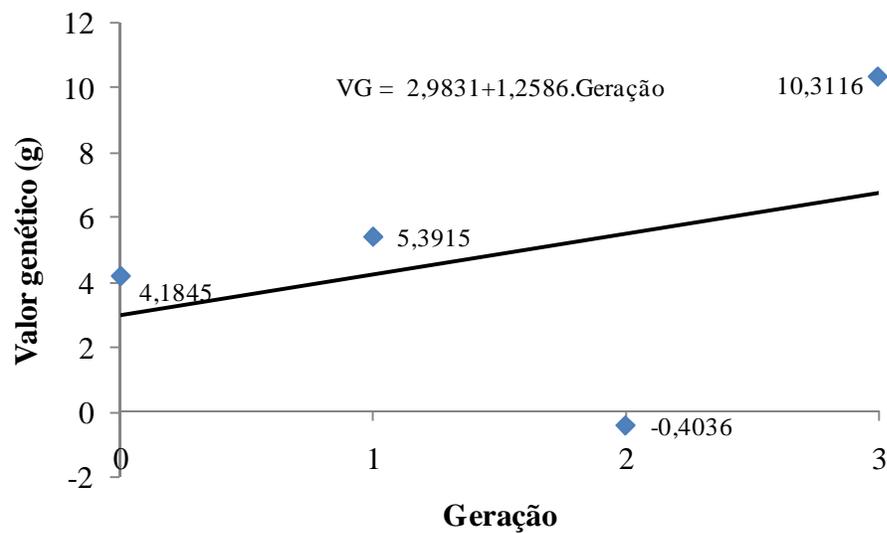


Figura 3 – Tendência genética dos valores genéticos para o peso aos 35 dias em função das gerações para a curva de crescimento para a linhagem LF1 de codornas de corte.

5. CONCLUSÕES

Modelos de regressão aleatória que consideram heterogeneidade residual são melhores do que os que consideram a variância residual homogênea para estudos da curva de crescimento de codornas de corte.

Dentre os modelos que consideram heterogeneidade de variância residual, aqueles com maior quantidade de classes de variância são melhores em relação aos de menor quantidade de classes.

A utilização da função polinomial de Legendre de ordem seis, juntamente com a variância residual dividida em seis períodos (6 classes), deve ser considerada para obter um melhor ajuste da curva de crescimento de codornas de corte em processos de avaliação genética por regressão aleatória.

As estimativas de herdabilidade apresentaram comportamento decrescente ao longo da curva de crescimento dos animais; portanto, maiores ganhos genéticos podem ser obtidos ao selecionar as aves mais jovens.

A tendência genética dos valores genéticos mostrou-se crescente ao longo das gerações, simbolizando progresso genético da população estudada.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADEOGUN, I.O.; ADEOYE, A. A. Heritabilities and phenotypic correlations of growth performance traits in Japanese quails. **Livestock Research for Rural Development**, v.16, n.12, 2004. Disponível em: <<http://lrrd.cipav.org.co/lrrd16/12/adeo16103.htm>> Acessado em: 13/01/2011.

AKBAS, Y.; TAKMAN, Ç.; YAYLAC, E. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n. 2, p. 104-109, 2004.

ALBUQUERQUE, L. G.; MEYER, K. Estimates of covariances 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.

ALMEIDA, M. I. M.; OLIVEIRA, E. G.; RAMO, P. R. R.; VEIGA, N.; DIAS, K. Desempenho produtivo para corte de machos de codornas (*Coturnix sp.*) de duas linhagens, submetidos a dois ambientes nutricionais. In: IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2002, Campo Grande, **Anais...** Campo Grande, 2002, CD-Rom.

ARANGO, J. A.; CUNDIFF, L. V.; VAN VLEK, L. D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, n.1, p.54-67, 2004.

ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; COSTA, C. N.; FILHO, R. A. T.; ARAÚJO, S. I.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; PEREIRA, C. S.; COBUCI, J. A.; SARMENTO, J. L. R. Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.967-974, 2006 (supl.).

BONAFÉ, C. M. **Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. 2008. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2008, 58p.

BONAFÉ, C. M.; TORRES, R. A. T.; SARMENTO, J. L. R. S.; SILVA, L. P.; RIBEIRO, J. C.; TEIXEIRA, R. B.; SILVA, F. G.; SOUSA, M. F. 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.

COBUCI, J. A.; COSTA, C. P.; TEIXEIRA, N. M.; FREITAS, A. F.; BARRA, R. B. Estimativas de herdabilidade para produção de leite no dia de controle de vacas da raça holandesa utilizando regressão aleatória. In: V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004, Pirassununga: **Anais ...** Pirassununga, 2004. CD-Rom.

CORRÊA, G. S. S.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B.; FONTES, D. O.; SANTOS, G. G.; TORRES, R. A.; DIONELLO, N. J. L.; FREITAS, L. S.; FRIDRICH, A. B. Exigências em proteína bruta para codornas de corte EV1 em crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, n.5, p.1278-1286, 2007.

CORRÊA, G. S. S.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B.; FONTES, D. O.; SANTOS, G. G.; LIMA NETO, H. R. Níveis de proteína bruta para codornas de corte durante o período de

crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.6, n.1, p.209-217, 2008.

CORRÊA, G. S. S.; SILVA, M. A.; FONTES, O. D.; CORRÊA, A. B.; EULER, A. C. C.; FRIDRICH, A. B.; FERREIRA, I. C.; VENTURE, R. V.; RUFINO, J. E.; VALENTE, B. D. Efeito de diferentes níveis de proteína e energia sobre o rendimento de carcaça de codornas européias. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p.266-271, 2005.

COSTA, C. H. R.; BARRETO, S. L. T.; FILHO, R. M. M.; ARAUJO, M. S.; UMIGI, R. T.; LIMA, H. J. A. Avaliação do desempenho e da qualidade dos ovos de codornas de corte de dois grupos genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p.1823-1828, 2008.

COSTA, C. N.; MELO, C. M. R.; MACHADO, C. H. C.; FREITAS, A. F.; PACKER, I. U.; COBUCI, J. A. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da vaca Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.5, p.1519-1530, 2005.

CYRILLO, J.N.S.G. **Estimativas de funções de covariância para o crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual
DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimativa de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

DIONELLO, N. J. L.; CORREA, G. S. S.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B.; SANTOS, G. G. 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**, Viçosa, MG, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

FELIPE, V. P. S. **Estudo da interação genótipo-ambiente em codornas de corte**. 2010. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2010, 59p.

FREITAS, A. C.; FUENTES, M. F. F.; FREITAS, E. R.; SUCUPIRA, F. S.; OLIVEIRA, B. C. M.; ESPÍNDOLA, G. B. Níveis de proteína bruta e energia metabolizável na ração para codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1705-1710, 2006.

FRIDRICH, A. B.; VALENTE, B. D.; FELIPE SILVA, A. S.; SILVA, M. A., CORRÊA, G. S. S.; FONTES, D. O.; FERREIRA, I. C. Exigência de proteína bruta para codornas européias no período de crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p.261-265, 2005.

LEITE, C. D. S.; CORRÊA, G. S. S.; BARBOSA, L.; MELO, A. L. P. YAMAKI, M.; SILVA, M. A.; TORRES, R. A. Avaliação de características de desempenho e de carcaça de codornas de corte por meio da análise de componentes principais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.61, n.2, p.498-503, 2009.

MERCADANTE, M. E. Z.; PACKER, I. U.; RAZOOK, A. G.; MELO, C. M. R.; CYRILO, J. N. S. G.; FIGUEIREDO, L. A. 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. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics selection evolution**, v.30, n.3, p.221-240, 1998.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic covariance functions for early growth of Australian beef cattle. In: 50th Annual meeting of the European association for animal production, p.22-26, 1999.

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, n.1, 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.5, 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, p.69-83, 2004.

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.

MORI, C.; GARCIA, E. A.; PAVAN, A. C.; PICCININ, A.; PIZZOLANTE, C. C. Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para produção de carne. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.870-876, 2005.

NARINC, D.; AKSOY, T.; KARAMAN, E. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*). **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.3, p.501-507, 2010.

OLIVEIRA, E. G.; ALMEIDA, M. I. M.; MENDES, A. A.; VEIGA, N.; DIAS, K. Desempenho produtivo de quatro grupos genéticos de codornas (*coturnix sp.*) para corte. **Archives of Veterinary Science**, v.10, n.3, p.33-37, 2005.

OLIVEIRA, E. G.; ALMEIDA, M. I. M.; MENDES, A. A.; VEIGA, N.; DIAS, K. Desempenho produtivo de codornas de ambos os sexos para corte alimentadas com dietas com quatro níveis protéicos. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.7, n.2, p.75-80, 2002a.

OLIVEIRA, N. T. E.; SILVA, M. A.; SOARES, R. T. R. N.; FONSECA, J. B.; FONSECA, J. B.; THIEBAL, J. T. Exigências de proteína bruta e energia metabolizável para codornas japonesas criadas para a produção de carne. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p.675-686, 2002b.

Paulista, 2003. 72p. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Universidade Estadual Paulista, 2003.

QUEIROZ, S. A.; PELICIONE, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G. Valores genéticos preditos para características de crescimento de bovinos Guzerá, utilizando modelos unicaracterística e

de regressão aleatória. In: 41º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004, Campo Grande: **Anais...** Campo Grande, 2004, CD-Rom.

RESENDE, M. D. V.; REZENDE, G. D. S. P.; FERNANDES, J. S. C. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v.19, s/n p.21-40, 2001.

REZENDE, M. J. M.; FLAUZINA, L. P.; McMANUS, C.; OLIVEIRA, L. Q. M. Desempenho produtivo e biometria das vísceras de codornas francesas alimentadas com diferentes níveis de energia metabolizável e proteína bruta. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v.26, n.3, p.353-358, 2004.

SANTORO, K. R.; BARBOSA, S. B. P.; SANTOS, E. S.; BRASIL, H. A. Uso de funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos Nelore criados no estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n.6, p. 2290-2297, 2005.

SANTOS, G. G.; CORRÊA, G. S. S.; VALENTE, B. D.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B.; FELIPE, V. P. S.; WENCESLAU, R. R. Sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteínas 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**. Tese (Doutorado em genética e melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007. 101p.

SARMENTO, J. L. R.; ALBUQUERQUE, L. G.; TORRES, R. A.; RODRIGUES, M. T.; LOPES, P. S.; FILHO, J. C. R. 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.

SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R. A.; PEREIRA, C. S.; SOUSA, W. H.; LOPES, P. S.; ARAÚJO, C. V.; EUCLYDES, R. F. 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.

SAS STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. **User's guide: Statistics**. Version 9.0, NC; SAS Institute, 2002.

SILVA, E. L.; SILVA, J. H. V.; FILHO, J. J.; RIBEIRO, M. L. G. efeito do plano nutricional sobre o rendimento de carcaça de codorna tipo carne. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, n.2, p.514-522, 2007.

SILVA, J. H. V.; SILVA, M. B.; FILHO, J. J.; SILVA, E. L.; ANDRADE, I. S.; MELO, D. A.; RIBEIRO, M. L. G.; ROCHA, M. R. F.; COSTA, F. G. P.; JÚNIOR, W. M. D. Exigência de manutenção e ganho em proteína e energia em codornas Janopesas (*Coturnix coturnix*) na fase de 15 a 32 dias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.5, p.1220-1230, 2004.

SILVA, L. P.; LEITE, C. D. S.; SOUSA, F. M.; SILVA, F. G.; RIBEIRO, J. C.; CRISPIM, A. C.; TORRES, R. A. Parâmetros genéticos para pesos corporais de matrizes de codornas de corte. In: VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2010, Maringá: **Anais...** Maringá, 2010, CD-Rom.

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

SOUSA, J. E. R.; SILVA, M. A.; SARMENTO.; J. L. R.; OUZA, W. H.; SOUZA, M. S. M.; FRIDRICH, A. B. Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória sobre o crescimento de caprinos Anglo-Nubianos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.12, p.1725-1732, 2008.

THOLON, P.; QUEIROZ, S. A.; Utilização de diferentes estruturas de variância residual em modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. **Revista Caatinga**, v.21, n.2, p.37-47, 2008.

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.

VALENTE, B. D.; SILVA, M. A.; SILVA, L. O. C.; BERGMANN, J. A. G.; PEREIRA, J. C. C.; FRIDRICH, A. B.; FERREIRA, I. C.; CORRÊA, G. S. S. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.2, p.389-400, 2008.

VALI, N.; EDRISS, M. A.; RAHMANI, H. R. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. **International Journal of Poultry Science**, v4, n.5, p.296-300, 2005.

VAN DER WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random regression in animal breeding**. Ontario: University of Guelph, 1997. p.70.

VELOSO, R. C.; DRUMOND, E. S. C.; VASCONCELOS, R. C.; PIRES, A. V.; FASSANI, E. J.; CRUZ, V. A. R. Proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte: 1 - Fase inicial. In: IV Simpósio Internacional e III Congresso Brasileiro de Codornas de Corte, 2010, Lavras: **Anais...**, Lavras, 2010, CD-Rom.

VELOSO, R. C.; PIRES, A. V.; TIMPANI, V. D.; DRUMOND, E. S. C.; GONÇALVES, F. M.; FARIA FILHO, D. E. Níveis de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, no prelo, 2012.

WINTER, E. M. W.; ALMEIDA, M. I. M.; OLIVEIRA, E. G.; MARTINS, E. N.; NATEL, A. S.; SUREK, D. 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.