

GIOVANI DA COSTA CAETANO

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X NÍVEIS DE PROTEÍNA NA DIETA E ANÁLISE
MULTICARACTERÍSTICAS PARA CONVERSÃO ALIMENTAR E
DESEMPENHO PRODUTIVO DE CODORNAS DE CORTE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2015

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T

Caetano, Giovani da Costa, 1989-
C127i Interação genótipos x níveis de proteína na dieta e análise
2015 multicaracterísticas para conversão alimentar e desempenho
produtivo de codornas de corte / Giovani da Costa Caetano. –
Viçosa, MG, 2015.
ix, 51f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Condornas. 2. *Coturnix coturnix*. 3. Proteínas na nutrição
animal. 4. Interação genótipo-ambiente. 5. Genética .

I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia.
Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento.

II. Título.

CDD 22. ed. 598.627

GIOVANI DA COSTA CAETANO

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X NÍVEIS DE PROTEÍNA NA DIETA E ANÁLISE
MULTICARACTERÍSTICAS PARA CONVERSÃO ALIMENTAR E
DESEMPENHO PRODUTIVO DE CODORNAS DE CORTE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA EM: 13 de fevereiro de 2015.



Cristina Moreira Bonafé



Gustavo Henrique de Souza



Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

Aos meus pais, Maria e Luiz,
aos meus irmãos Sérgio, Patrícia e Adriana,
à Rosa, ao meu cunhado Eduardo e ao meu sobrinho Luiz Otávio,
pelo amor incondicional, pelo
companheirismo, carinho,
atenção e compreensão
em todos os momentos
da minha vida, dedico este trabalho.

“A educação é a arma mais poderosa que você
pode usar para mudar o mundo.”

(Nelson Mandela)

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar presente e me dar força em todos os momentos dessa caminhada.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento e ao departamento de Zootecnia pela oportunidade e realização dos cursos de Agronomia e de Mestrado em Genética e Melhoramento.

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

Ao meu orientador Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos, pela atenção, confiança, incentivo, e pela agradável convivência, minha eterna admiração.

Ao meu coorientador Fabyano Fonseca e Silva pela atenção, ajuda, incentivo, ensinamentos e oportunidade para trabalharmos juntos.

Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento e do Departamento de Zootecnia, pelos ensinamentos e atenção.

Aos funcionários da Granja de Melhoramento de Aves e do Incubatório, em especial ao Vicente, Zé Mauro e ao Silvio (Matão), pela força, paciência e companheirismo em todos os momentos dessa caminhada.

Aos estagiários, Lorena, Camila e William, a todos que participaram do experimento: Jeferson, Luciano (mesmo estando distante me ajudou muito no experimento), Aline, Stefani, Helmut, Edson, Nadson (magrelo), Hinayah, Tavão, Delvan, Alessandra, Sirlene, Karina, Rosa e a todos que foram ao menos uma vez e me ajudaram muito.

Ao Luciano e ao Rodrigo (Batatinha) agradeço pela dedicação, companheirismo e grande ajuda para rodar as análises e correções dessa dissertação.

Aos colegas do Grumeca (Grupo de Melhoramento de Caprinos Leiteiros da UFV) que sempre estão à disposição para ajudar e sem eles este experimento não seria possível.

Aos amigos mais antigos do melhoramento - Rafael Bastos, Cristina, Mariele, Carla, Jeferson, Luciano, Felipe, Gilberto, Ana Lúcia, Luiz Brito, Aline, Bruno, Helmut, Rodrigo - que me suportaram, tiveram paciência, me incentivaram e me passaram grandes ensinamentos desde a graduação.

Aos estagiários e grandes amigos que já passaram e/ou ainda fazem parte dos programas de melhoramentos de aves e de caprinos leiteiros da UFV, e que sempre lembrarei por fazerem parte da minha vida.

A todos familiares, amigos de infância e formados durante essa caminhada, companheiros e “irmãos” da graduação (Sergão, Laércio, Danilo), a todos amigos do melhoramento e da zootecnia e aos membros do GenMelhor pelo companheirismo, atenção, carinho, paciência, e pelos momentos de descontração e alegria.

A minha mãe, que sem ela não chegaria até aqui, agradeço pelo amor incondicional, pela formação pessoal e de caráter, pelo incentivo, atenção e carinho, compreensão pelas minhas faltas e pelo exemplo de vida.

Aos meus irmãos por serem especiais na minha vida, pela amizade diária, pelo incentivo, paciência, atenção e carinho em todos momentos da minha vida.

Ao meu cunhado Eduardo pelas risadas e companheirismo.

A Rosa pela paciência, amor, atenção e compreensão durante todos esses anos juntos.

Ao meu sobrinho Luiz Otávio por trazer alegria pra minha casa e pra minha vida.

Enfim, a todos que de forma direta ou indireta fizeram parte do que sou hoje, sou imensamente grato!

BIOGRAFIA

Giovani da Costa Caetano, filho de Luiz Caetano e Maria Aparecida da Costa Caetano, nasceu em Viçosa, estado das Minas Gerais, em 22 de junho de 1989.

Em março de 2008, iniciou o Curso de Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa, e iniciou estágio na área de melhoramento animal. Posteriormente, foi bolsista PROBIC/FAPEMIG (03/2009 - 02/2010), bolsista INCT-CA (03/2010 - 02/2011), bolsista PROBIC/FAPEMIG (03/2011 - 02/2012) e bolsista FAPEMIG (03/2012 - 11/2012), sob a orientação do professor Robledo de Almeida Torres, desenvolvendo pesquisas junto ao Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros e junto ao Programa de Melhoramento Genético de Codornas do Departamento de Zootecnia da UFV.

Em março de 2013 obteve o diploma de Engenheiro Agrônomo.

Em março de 2013, ingressou-se no Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, sob a orientação do professor Robledo de Almeida Torres, realizando seus estudos na área de Melhoramento Animal.

Em 2014 obteve sucesso ao prestar o processo seletivo para ingressar no doutorado na área de Genética e Melhoramento na UFV em março de 2015.

No dia 13 de fevereiro de 2015, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
2.1. Objetivo Geral	3
2.2. Objetivos específicos	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	3
3.1. Interação genótipos x ambientes	3
3.2. Interação genótipos x ambientes em codornas de corte	5
3.3. Métodos de avaliação da interação genótipos x ambientes	6
3.3.1. Normas de reação	6
3.3.2. Modelos de regressão aleatória	7
3.4. Polinômios ortogonais de legendre	9
3.5. Parâmetros genéticos para características relacionadas à eficiência alimentar	10
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	11

CAPÍTULO 1

Estudo da interação genótipos x níveis de proteína das dietas de codornas de corte em crescimento por meio de modelos de norma de reação	16
RESUMO	16
ABSTRACT	17
1. INTRODUÇÃO	18
2. MATERIAL E MÉTODOS	19
3. RESULTADOS	25
4. DISCUSSÃO	30
5. CONCLUSÕES	34
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	34

CAPÍTULO 2

Períodos parciais de ganho de peso e conversão alimentar individual como critério de seleção em duas linhagens de codornas de corte	37
RESUMO	37
ABSTRACT	38
1. INTRODUÇÃO	39
2. MATERIAL E MÉTODOS	40
3. RESULTADOS	43
4. DISCUSSÃO	46
5. CONCLUSÕES	50
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	50

RESUMO

CAETANO, Giovani da Costa, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2015. **Interação genótipos x níveis de proteína na dieta e análise multicaracterísticas para conversão alimentar e desempenho produtivo de codornas de corte.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Objetivou-se neste trabalho investigar a presença de interação genótipos x níveis de proteína na ração, sobre o período de crescimento e avaliar por análises multicaracterísticas a conversão alimentar individual e o desempenho produtivo em períodos parciais de dois grupos genéticos de codornas de corte pertencentes à Granja de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Foi avaliado o peso corporal de 970 e 410 animais dos grupos genéticos UFV1 e UFV2, respectivamente, no 28° e 35° dias de idade, alimentados com ração contendo níveis crescentes (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 e 29%) de proteína bruta (PB). No período de 21 a 35 dias de idade foram avaliadas 188 codornas do grupo genético UFV1 e 191 da UFV2, para averiguar a conversão alimentar individual e o desempenho produtivo em períodos parciais. As avaliações para a obtenção das normas de reação e os parâmetros genéticos foram realizadas no software WOMBAT. Com análise de normas de reação verifica-se que não existe a interação genótipos x ambientes para as idades avaliadas em ambos os grupos genéticos. Para o grupo UFV1, a estimativa mais alta de correlação genética, para ganho de peso (GP), foi encontrada entre ganho de peso no período de 21 a 28 dias e o período total ($GP_{2128} \times GP_{135}$) (0,90), diferente do que foi encontrado para a UFV2, onde obteve maior correlação entre o período parcial de 28 a 35 dias e o período total ($GP_{2835} \times GP_{135}$) (0,93). As estimativas de herdabilidade e correlação genética para conversão alimentar individual (CA) foram maiores para o período parcial de 21 a 28 dias (CA_{2128}) (0,51 e 0,92) na UFV1, e de 28 a 35 dias (CA_{2835}) (0,34 e 0,85), para a UFV2. Concluiu-se que a avaliação pode ser feita em qualquer nível de proteína. Verificou-se também a não existência de interação genótipos x ambientes para as duas linhagens estudadas. Portanto, é possível utilizar dieta contendo 22% de PB para codornas de corte sem que haja prejuízo no peso corporal ao abate. Recomenda-se, para o grupo genético UFV1, a seleção de codornas de corte considerando o ganho de peso de 21 a 28 dias de idade, e para o grupo genético UFV2 a seleção por ganho de peso de 28 a 35 dias de idade, o que permitiria uma redução no custo de produção e um aumento no ganho genético tanto para ganho de peso quanto para melhor conversão alimentar.

ABSTRACT

CAETANO, Giovani da Costa, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2015. **Genotype by protein level interaction and multi-trait analyses for feed intake and growth performance in meat quails.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-Adviser: Fabyano Fonseca e Silva.

The objective of this study was to investigate the presence of genotype x protein level interaction ($G \times E$) via reaction norm models on growth period as well as to evaluate individual feed intake and the growth performance of two genetic lines (UFV1, UFV2) in partial production periods of quails. Data included body weights at 28 and 35 days old on 1280 animals being 970 from UFV1 and 410 from UFV2 from Viçosa Federal University (Universidade Federal de Viçosa). Animals were fed with eight different protein level in diet (range 22-29%). Moreover, we evaluated individual feed intake and growth performance in partial periods for 188 and 191 animals belonging to UFV1 and UFV2 lines, respectively, from 21 to 35 days old. The analysis to estimate the reaction norms and genetic parameters were performed in WOMBAT software. The results indicated no $G \times E$ for both ages in both genetic lines. The highest weight gain (WG), genetic correlation estimate was found between 21-28 days old (WG_{2128}) and total period (WG_{135} ; 0.90) for UFV1, whereas, for UFV2, was for 28-35 days old (WG_{2835}) and WG_{135} (0.93). Heritability estimates and genetic correlations for individual feed intake (IFI) were higher for 21-28 days old (IFI_{2128}) and 28-35 days old (IFI_{2835}) periods for UFV1 and UFV2, respectively. Therefore, we inferred that there was no $G \times E$ for both genetic lines and thus genetic evaluations could be done at any protein level. However, we recommend a diet containing 22% CP for quails without loss in body weight at slaughter. Finally, we also recommended selection of quails for weight gain on ages from 21 to 28 days for UFV1 whereas on ages from 28 to 35 days for which would allowed a reduction in the production cost and increase genetic gains for WG and also IFI.

1. INTRODUÇÃO

A coturnicultura no Brasil vem crescendo de maneira considerável, e se tornando uma atividade atrativa e rentável. A razão deste sucesso é a maturidade sexual precoce, curto intervalo de geração, alta produção de ovos, baixo custo associado com seu pequeno tamanho corporal, resistência a doenças e a possibilidade do rápido retorno do capital investido, aliado a qualidade de sua carne e ovo.

A grande evolução da avicultura de corte e postura é decorrente, principalmente, da utilização dos recursos do melhoramento genético, que é uma das principais ferramentas utilizadas para incrementar avanços dentro da cadeia produtiva, e está interligada com outras áreas como: manejo, ambiência, nutrição e biossegurança.

A genética e o ambiente são importantes na expressão da maioria das características econômicas em animais de interesse zootécnico. Uma questão básica no melhoramento genético animal é, se a seleção dos animais praticada em determinado ambiente resulta em progresso genético em outro tipo de ambiente. Esse questionamento surge da constatação de que genótipos superiores em determinado ambiente podem não o ser em ambiente diferente (ALENCAR et al., 2005). A hipótese essencial que explica tal fato é a existência da interação genótipos-ambientes (IGA). Essa interação pode ocorrer mesmo que os genótipos não mudem de classificação, sendo necessário apenas que a magnitude da diferença entre eles varie de um ambiente para outro, o que já poderia representar um efeito economicamente relevante (TEIXEIRA et al., 2006).

Dentre os fatores de ambiente nos sistemas de produção de codornas de corte, os níveis proteicos da dieta se destacam. A proteína é o nutriente mais caro da dieta de codornas de corte (CORRÊA et al., 2007b), sendo responsável por considerável parte do custo de programas de seleção (FERREIRA et al., 2004). Uma estratégia para diminuir esse custo seria utilizar dietas com níveis de proteína bruta abaixo daquele que maximiza a produção ou o lucro. Porém, essa estratégia só resulta em predições de valores genéticos válidos para dietas com diferentes níveis proteicos se houver homogeneidade na sensibilidade dos valores genéticos dos indivíduos à modificação do nível de proteína bruta da dieta.

A IGA pode ser analisada por intermédio de modelos de regressão aleatória, nos quais o valor genético de cada animal avaliado é considerado como função do ambiente (KOLMODIN et al., 2002). Essa abordagem possibilita a predição e a comparação dos valores genéticos e a estimação da variância genética para qualquer ambiente dentro de

um intervalo definido, mesmo na presença de heterogeneidade de variância e de sensibilidade de valores genéticos à modificação do ambiente. A existência de heterogeneidade de sensibilidades genéticas ao nível proteico da dieta indicaria, para a maximização do potencial genético, que os programas de seleção devem ser realizados para um nível específico de proteína da dieta.

No Brasil, existem diversas pesquisas que visam estabelecer o desempenho máximo de codornas de linhagens específicas quanto aos níveis proteicos da dieta (FRIDRICH et al., 2005; CORRÊA et al., 2005; CORRÊA et al., 2007a, b, c; CORRÊA et al., 2008; FELIPE, 2010; BONAFÉ, 2011; VELOSO et al., 2012; MUNIZ, 2013), quanto aos níveis de aminoácidos sulfurados, como metionina + cistina (CORRÊA et al., 2006; FELIPE, 2010), e de lisina (CORRÊA et al., 2007d) e da interação genótipo específico versus nível nutricional da dieta (VALENTE et al., 2006). Porém, ainda há a necessidade da realização de mais pesquisas cujos resultados podem favorecer a elaboração de programas de nutrição mais adequados, de acordo com a aptidão de cada linhagem.

Nas linhagens de codornas de corte mantidas sob avaliação genética, o conhecimento de parâmetros genéticos das características de importância econômica torna a seleção mais eficiente e seu constante estudo no decorrer das gerações possibilita saber como as características estão se alterando geneticamente (SATO et al., 2012).

Pesquisas relacionadas à estimação de parâmetros genéticos para características relacionadas à eficiência alimentar em períodos parciais de produção são escassas, ou mesmo inexistentes, na literatura. As pesquisas desenvolvidas até o momento, em sua maioria, são tomadas com codornas de postura e em experimentos com dados de grupo de animais e não individuais (TEIXEIRA et al. 2012; TEIXEIRA et al. 2013; VARKOOHI et al., 2010; VARKOOHI et al. 2011) e avaliando apenas características de peso corporal (FELIPE et al., 2007; ALCÂNTARA et al. 2013; FRIDRICH et al. 2005; MIRANDA et al, 2013). Dessa forma, evidencia-se a necessidade de aumento de estudos neste segmento.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Investigação da existência de interação genótipos x níveis de proteína na dieta, e avaliação genética de características relacionadas à conversão alimentar e desempenho produtivo em codornas de corte de dois grupos genéticos da Granja de Melhoramento de Aves do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa.

2.2. Objetivos Específicos

Objetivou-se no presente estudo, para dois grupos de codornas de corte:

- Investigar a presença de interação de genótipos x níveis de proteína na ração sobre o peso aos 28 e 35 dias por meio de modelos de normas de reação.
- Estimar os parâmetros genéticos para ganho de peso e de conversão alimentar individual em períodos parciais e para o período total na fase de recria, por meio de análises multicaracterísticas, a fim de verificar a possibilidade do uso de períodos parciais para ganho de peso, em substituição ao período total.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Interação Genótipos x Ambientes

Estudos da interação genótipos x ambientes (IGA) iniciaram-se por volta do século XX e, em geral, visavam estabelecer se a seleção deveria ser praticada no ambiente em que o animal seria criado ou em ambiente melhorado, para que o indivíduo pudesse expressar o máximo do seu potencial genético (FRIDRICH et al., 2005).

Em 1947, HAMMOND propôs que os animais deveriam ser selecionados em melhores condições de ambiente, com adequada alimentação e manejo, permitindo que a capacidade de resposta dos animais avaliados fosse mais eficiente e uniforme, de tal forma que pudessem expressar melhor os genes de interesse. Com isso, as diferenças genéticas observadas entre os animais permitiriam a obtenção de estimativas mais seguras dos valores genéticos, pela minimização das influências de origem ambiental. Entretanto, outros pesquisadores recomendam a avaliação dos animais em condições ambientais mais limitadas, com restrições alimentares e manejo de baixa qualidade, ou seja, ambientes áridos, devido ao fato de que se um animal selecionado nesse ambiente

é considerado geneticamente superior aos demais, conseqüentemente, também o será em ambientes de melhores condições.

Em 1952, FALCONER sugeriu que uma característica, em ambientes distintos, pode ser interpretada como sendo características diferentes, porque os genes que a controlam em determinado ambiente, podem ser diferentes, pelo menos parcialmente, daqueles que a controlam em outro, uma vez que os mecanismos fisiológicos são de algum modo diferente. Sendo assim, pode-se deduzir que o método de avaliação dos animais em condições reais de criação é o mais adequado.

A IGA pode se manifestar de diferentes formas, sendo duas expostas na Figura 1.

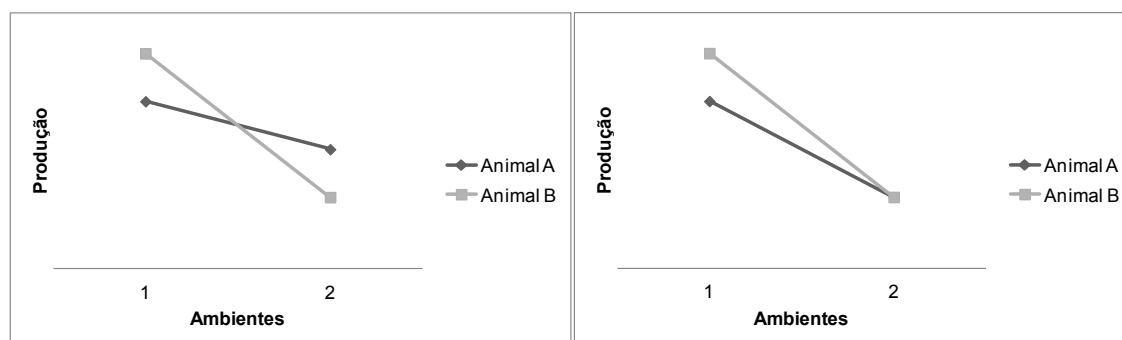


Figura 1: Interação Genótipos x Ambientes

Pelo exposto Figura 1, percebe-se que a transferência de material genético de animais vivendo em um ambiente 1, considerado adequado para o crescimento e desenvolvimento dos animais, para um ambiente 2 de piores condições, pode resultar em mudança de classificação ou em uma redução da diferença dos valores genéticos dos animais, para uma determinada característica.

A expressão das características produtivas sofre influências ambientais favoráveis a alguns genótipos e desfavoráveis a outros, de modo que o estudo dessa adaptação dos genótipos ao ambiente de produção é de grande importância para a identificação de genótipos produtivos e, ao mesmo tempo, adaptados aos diferentes sistemas de produção (TEIXEIRA et al., 2006).

Segundo DICKERSON (1962), a mudança genética em um ambiente diferente do ambiente de seleção é proporcional à correlação genética entre o desempenho nos dois ambientes. As correlações genéticas, entre as mesmas características em ambientes diferentes, quando altas, evidenciam pouca importância da IGA, e, quando baixas, indicam que os desempenhos são diferentes.

A IGA pode provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais e, por conseguinte, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e

fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças no ranking de animais a serem selecionados, dependendo do ambiente. (ALENCAR et al., 2005).

Diante do que foi exposto, fica claro que a identificação dessas interações contribui para o aumento da eficiência de seleção em animais de interesse zootécnico.

3.2. Interação Genótipos x Ambientes em Codornas de Corte

Parâmetros genéticos de peso corporal em codornas foram estimados para diferentes idades por intermédio de abordagens multicaracterísticas (VALI et al., 2005; SAATCI et al., 2006; NARINC et al., 2010; SILVA et al., 2013) e modelos de regressão aleatória em função da idade (AKBAS et al., 2004; DIONELLO et al., 2006; FELIPE, 2010; BONAFÉ, 2011).

Apesar de existir alguns trabalhos relacionados (MARKS, 1978; SANTOS et al. 2008; SANTOS 2010; FELIPE, et al. 2012), ainda há poucos estudos na literatura sobre a heterogeneidade contínua destes parâmetros, ou sobre a heterogeneidade de sensibilidades de valores genéticos aditivos preditos, decorrentes da modificação gradual do ambiente, o que caracteriza interação genótipos x ambientes.

Dentre os fatores de ambiente, nos sistemas de produção de codornas de corte, os níveis proteicos da dieta se destacam. A proteína é o nutriente mais caro da dieta de codornas de corte (CORRÊA et al., 2007b), sendo responsável por considerável parte do custo de programas de seleção (FERREIRA et al., 2004), justificando a importância de seu estudo na dieta dessa espécie.

No Brasil, existem diversas pesquisas que visam estabelecer o desempenho máximo de codornas de linhagens específicas quanto aos níveis proteicos da dieta (FRIDRICH et al., 2005; CORRÊA et al., 2005; CORRÊA et al., 2007a, b, c; CORRÊA et al., 2008; VELOSO et al., 2012; MUNIZ, 2013), quanto aos níveis de aminoácidos sulfurosos, metionina + cistina (CORRÊA et al., 2006), e de lisina (CORRÊA et al., 2007d) e da interação genótipo específico versus nível nutricional da dieta (VALENTE et al., 2006). Poucos trabalhos foram realizados para avaliar o desempenho de progênies de diferentes reprodutores alimentadas com diferentes níveis proteicos, principalmente no que se refere ao estudo da interação genótipos x ambientes, cujos resultados pudessem subsidiar programas de seleção de codornas de corte.

SANTOS et al. (2008), avaliaram a sensibilidade de valores genéticos de duas linhagens de codornas de corte, em relação às mudanças de níveis proteicos das dietas, utilizando-se modelos de regressão aleatória. As codornas com maior valor genético

aditivo para peso no ambiente médio responderam de maneira positiva ao aumento do nível proteico da dieta. No 42º dia de idade, apresentam aumento de dispersão dos valores genéticos com o aumento dos níveis proteicos da dieta, indicando heterogeneidade de sensibilidade dos valores genéticos aditivos à mudança do ambiente, ou à existência de IGA. As herdabilidades estimadas apresentaram alta variação e maior magnitude para maiores níveis de proteína bruta na dieta, indicando maior resposta à seleção para níveis mais elevados de proteína da dieta. Os autores concluíram que as avaliações genéticas realizadas para codornas alimentadas com dietas contendo determinado nível proteico não permitiriam a predição de valores genéticos válidos para outros níveis proteicos das dietas.

3.3. Métodos de Avaliação da Interação Genótipos x Ambientes

Dentre as formas de investigar a presença da IGA, citam-se estudos envolvendo delineamentos em arranjo fatorial, correlação genética da mesma característica em ambientes diversos (diferentes épocas de nascimento, regiões, manejos, etc.) e normas de reação. ROBERTSON, em 1959, sugeriu que a IGA pode ter importância prática quando a correlação genética observada para a mesma característica em diferentes ambientes é menor do que 0,80.

2.3.1. Normas de reação

A norma de reação é descrita como a mudança sistemática na expressão média de uma característica fenotípica que ocorre em resposta a mudança sistemática de uma variável ambiental (JONG, 1990), isto é, o fenótipo expresso a partir de um genótipo é função do ambiente. Para a predição da norma de reação, podem ser utilizadas funções de covariância que modelam as características longitudinais que se modificam ao longo de um gradiente ambiental por meio de modelos de regressão aleatória (KIRKPATRICK et al., 1990). E a variação nos coeficientes polinomiais indica interação genótipos x ambientes, ou seja, variação genética atribuída à sensibilidade ambiental. Mudanças na sensibilidade podem ser resultado da seleção agindo diretamente nos coeficientes da norma de reação ou uma resposta correlacionada à seleção sobre valores fenotípicos dentro dos diferentes ambientes (VIA et al, 1995). A vantagem deste modelo é que o valor genético é predito ao longo do gradiente ambiental de forma contínua sendo possível avaliar a sensibilidade da característica às mudanças de ambiente (JONG e BIJMA, 2002). O modelo de normas de reação foi utilizado pela

primeira vez para identificar a existência de interação por KOLMODIN et al. (2002). Estes autores estudaram a sensibilidade ambiental em bovinos de leite Nórdicos em quatro países (Finlândia, Suíça, Dinamarca e Noruega) e encontraram reordenamento dos reprodutores entre os ambientes extremos.

Em codornas de corte, SANTOS et al. (2008) utilizaram normas de reação para descrever a sensibilidade de peso em duas idades de codornas de corte de dois grupos genéticos alimentadas com dietas contendo diferentes níveis proteicos e mostraram a variação nos componentes de (co)variância e herdabilidade com a mudança de gradiente ambiental, usando normas de reação para caracterizar a presença ou ausência de interação genótipos-ambientes.

Diferenças nas estimativas de herdabilidade da mesma característica, medidas sob diferentes condições ambientais, podem ser indicativo de presença de interação genótipos-ambientes (VAN VLECK, 1963; VENCOVSKY e PACKER, 1976). Isto ocorrerá sempre que diferenças entre os ambientes sejam suficientes para influir sobre a expressão da variância genética aditiva. Entretanto, poderá ocorrer mudança também na variância total apresentada pela característica, imposta por modificações da variância residual, constituindo causa das diferenças observadas nas estimativas da herdabilidade.

2.3.2. Modelos de regressão aleatória

HENDERSON JR. em 1982, propôs o uso de modelos de regressão aleatória (MRA) para analisar dados longitudinais, contornando o problema de superparametrização das análises multicaracterísticas. Ao invés de estimar parâmetros e prever valores genéticos dos animais para cada característica, neste modelo coloca-se a característica analisada em função do tempo, como a idade dos indivíduos por exemplo. Então o que se faz é estimar um polinômio que explique a variação da característica em função do tempo, com uma parte fixa, média e geral para a população e uma parte aleatória ambiental, contendo efeitos ambientais correlacionados entre as medições e outra parte aleatória e genética, com os desvios atribuídos a carga genética dos animais. Assim, a parte aleatória são os desvios da produção dos animais em torno da curva fixa ajustada.

Características que podem ser medidas várias vezes ao longo da vida são conhecidas como longitudinais. Como exemplos podemos citar o peso corporal, produção de leite, produção de ovos, deposição de gordura, eficiência alimentar, entre outras. Os MRA, também conhecidos como modelos de dimensão infinita, podem ser aplicados para avaliação genética resultando em maior acurácia com relação ao modelo

multicaracterístico e de repetibilidade (MEYER, 2004). Além disso, estes modelos são utilizados para predição de normas de reação, curvas de crescimento, curvas de lactação ou curvas de produção de ovos (KOLMODIN, 2002).

Em essência as funções de covariância são um caso especial de modelos de regressão aleatória e descreve a covariância entre medidas tomadas em certo nível da covariável controle como função dessa mesma covariável controle. A principal vantagem deste modelo é que, além de fazer melhor uso das informações disponíveis, inclui uma função aninhada dentro de um efeito aleatório, o que permite que os componentes de variância se modifiquem ao longo de uma trajetória (KOLMODIN, 2003). Na abordagem usual do modelo multicaracterístico a medida de escala contínua é dividida em intervalos arbitrários e faz-se o ajuste para medidas tomadas fora do período/idade estipulado e é estimada apenas uma curva para todos os animais avaliados. Já no modelo repetibilidade assume-se que as variâncias genéticas são as mesmas para todos os níveis da covariável controle (idade, ambiente, dia do controle).

Modelos de regressão aleatória têm sido extensivamente aplicados no melhoramento animal para modelar registros diários de produção de leite durante a lactação de bovinos leiteiros, assim como no crescimento corporal em bovinos de corte (NOBRE et al., 2003; BOLIGON, 2008; NOBRE et al., 2009; MOTA, 2012; MOTA et al., 2013a; MOTA et al., 2013b), na avaliação da trajetória de crescimento de codornas de corte (DIONELLO, 2008; BONAFÉ et al., 2011; TEIXEIRA et al. 2012; GONÇALVES et al., 2012) e no estudo da interação genótipos x ambientes em características de produção de leite (KOLMODIN et al., 2003) e de desempenho de codornas de corte (SANTOS et al. 2008; FELIPE, 2010).

Modelos de regressão aleatória permitem ajustar a trajetória aleatória para cada indivíduo como desvios de uma trajetória média da população, descrevendo os desvios genéticos a partir de regressões fixas, permitindo que cada animal tenha uma forma diferente da trajetória de seus desempenhos em termos genéticos (MERCADANTE et al., 2002).

Em notação matricial os MRA podem ser representados por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{c} + \mathbf{e},$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das N observações; \mathbf{b} é o vetor de efeitos sistemáticos e dos coeficientes de regressão fixa; \mathbf{a} é o vetor de coeficientes de regressão aleatória genético aditivo; \mathbf{c} é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente; \mathbf{e} é

o vetor de efeito aleatório residual; e \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são, respectivamente, as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatório genético aditivo e de ambiente permanente.

3.4. Polinômios Ortogonais de Legendre

Na matemática, polinômios de Legendre são soluções da equação diferencial de Legendre e recebem este nome em homenagem ao matemático francês Adrien-Marie Legendre:

$$\frac{d}{dx} \left[(1-x^2) \frac{d}{dx} P_n(x) \right] + n(n+1)P_n(x) = 0$$

Uma propriedade interessante dos polinômios de Legendre é que estes são ortogonais no intervalo $-1 \leq x \leq 1$.

KIRKPATRICK et al. (1990) apresentaram métodos de estimação de funções de covariância, que são formas de modelar as variâncias e covariâncias de uma característica longitudinal, para análise da curva de crescimento de camundongos utilizando polinômios ortogonais de Legendre (ϕ_n), que apresentam basicamente a seguinte fórmula:

$$\phi_n(a^*) = \frac{1}{2^n} \sqrt{\frac{2n+1}{2}} \sum_{m=0}^{[n/2]} (-1)^m \binom{n}{m} \binom{2n-2m}{n} (a^*)^{n-2m},$$

em que a^* são os níveis de proteína na dieta padronizados para a amplitude em que o polinômio é definido $[-1, +1]$, n é a ordem do polinômio e $[.]$ indica que os valores da fração são arredondados para baixo, assumindo o valor do inteiro mais próximo. Os níveis de proteína na dieta são padronizados utilizando-se a fórmula:

$$a_i^* = \frac{2(a_i - a_{min})}{a_{max} - a_{min}} - 1,$$

em que a_{max} e a_{min} são os níveis máximo e mínimo, respectivamente, em que a característica foi medida.

Os autores justificam a escolha de uma família de métodos que envolvem ajustes de funções ortogonais para os dados pelo fato de que funções ortogonais são frequentemente utilizadas em análises padrões de variância genética em trajetórias de crescimento. De acordo com SCHAEFFER (1996), polinômios ortogonais tendem a reduzir as correlações entre os coeficientes de regressão estimados, melhorando a

velocidade do processo de convergência. Também cita que dentre os diversos tipos de polinômios ortogonais existentes, os de Legendre, provavelmente, são os mais fáceis de calcular e utilizar.

Polinômios ortogonais de Legendre têm sido largamente aplicados em estudos sobre avaliação genética animal sob MRA, independentemente da espécie avaliada, COSTA et al. (2008) em bovinos de leite, SARMENTO et al. (2008) em caprinos de leite, Sarmento (2007) em ovinos de corte, BONAFÉ (2008) em codornas de corte, ALBUQUERQUE & EL FARO (2008) em bovinos de corte.

3.5. Parâmetros genéticos para características relacionadas à eficiência alimentar.

A coturnicultura no Brasil vem crescendo de maneira considerável e se tornando uma atividade atrativa e rentável. Entretanto o Brasil, não dispõe de material genético próprio, o que deixa a coturnicultura vulnerável e dependente da importação de material genético. Contudo, algumas instituições (Universidade Federal de Viçosa – UFV; Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG; Universidade Federal do Vale do Jequitinhonha - UFVJM; e Universidade Estadual de Maringá - UEM), estão desenvolvendo programas de melhoramento genético de codornas de corte, visando a solucionar essa dependência. (TEIXEIRA et al., 2012).

Estes programas necessitam de um acompanhamento constante das características de importância econômica de cada linhagem. Na criação de codornas de corte, os estudos relacionados a características de desempenho e eficiência alimentar, são escassos ou até mesmo inexistentes na literatura. As pesquisas desenvolvidas até o momento, em sua maioria, são tomadas com codornas de postura e em experimentos com dados de grupo de animais e não individuais (TEIXEIRA et al. 2012; TEIXEIRA et al. 2013; VARKOOHI et al., 2010; VARKOOHI et al. 2011) e avaliando apenas características de peso corporal (FELIPE et al., 2007; ALCÂNTARA et al. 2013; FRIDRICH et al. 2005; MIRANDA et al, 2013). A partir destes estudos é que os critérios de seleção são estabelecidos para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior. Dessa forma, evidencia-se a necessidade de aumento de estudos neste segmento.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKBAS, Y.; TAKMA, Ç.; YAYLAK, 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.; EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.2, p.238-246, 2008.

ALCÂNTARA, D.C.; MOTA, L.F.M.; ABREU, L.R.A.; et al. Desempenho de diferentes grupos genéticos de codornas e correlações fenotípicas entre peso corporal e ganho em peso. In: X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2013, Uberaba. **Anais...** Uberaba: SBMA, 2013.

ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. 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.

BOLIGON, A.A. **Estimativas de (co)variâncias genética de pesos do mascimento até a maturidade em rebanhos da raça Nelore usando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2008. 91p Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista, 2008.

BONAFÉ, C.M. Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 2008. 49p. **Dissertação** (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2008.

BONAFÉ, C.M. Sensibilidade de valores genéticos às modificações de níveis de proteína das dietas e avaliação de carcaça de codornas de corte em crescimento. 2011. 54f. **Tese** (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2011.

BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R. 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.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; FONTES, D.O. et al. 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, p.266-271, 2005.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de metionina + cistina para codornas de corte em crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.414-420, 2006.

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, p.488-494, 2007a.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte EV1. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.797-804, 2007b.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigências em proteína bruta para codornas de corte EV1 em crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.1278-1286, 2007c.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Desempenho de codornas de corte EV1 alimentadas com diferentes níveis de lisina na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.1545-1553, 2007d.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Nível de proteína bruta para codornas de corte durante o período de crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.1, p.209-217, 2008.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U. et al. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.602-608, 2008.

DICKERSON, G.E. Implication of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, v.4, n.1, p.47-63. 1962.

DIONELLO, N.J.L.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Efeitos maternos e permanentes na avaliação genética de linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 43^a Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. João Pessoa, PB: **Anais...** João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006 (CD-ROM), 2006.

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. **The problem of environment and selection**. Am. Nat., v.86, p.293-298, 1952.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. Essex: Longman Scientific & Technical, 1989. 438p.

FELIPE, V.P.S. Estudo da interação genótipo-ambiente em codornas de corte. 2010. 61f. **Dissertação** (Mestrado) - Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2010.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; Wenceslau, R.R. et al. 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.991-1000, 2012.

FELIPE, V.P.S.; CORRÊA, G.S.S.; CORRÊA, A.B. et al. Comparação entre desempenhos de diferentes grupos genéticos de codornas de corte nos períodos de crescimento a acabamento. **Anais...** 3^o Simpósio Internacional de Coturnicultura, Lavras, MG. 2007.

FERREIRA, I.C.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Análise de custo de experimentos realizados com diferentes grupos genéticos de codornas de corte alimentadas com dietas com diferentes níveis de proteína bruta e energia metabolizável.

- In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...**, Campo Grande-MS: SBZ, 2004.
- FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, D. et al. Interação genótipo × ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.5, p.917-925, 2005.
- 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.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environment conditions. **Journal of Animal Science**, v.22, p.195-213, 1947.
- HENDERSON JR, C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, n.3, p.623-640, 1982.
- JONG, G. e BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, p.195-214, 2002.
- JONG, G. Quantitative genetics of reaction norms. **Journal of Evolutionary Biology**, v.3, p.447-468, 1990.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.2, p.979-993, 1990.
- KOLMODIN, R. **Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding**. Uppsala: Swedish University of Agricultural Sciences, 2003. 35p. Doctoral thesis. Department of Animal Breeding and Genetics, 2003.
- 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 Science**, v.52, p.11-24, 2002.
- MARKS, H.L. Long term selection for four-week body weight in Japanese quail under different nutritional environments. **Tag Theoretical and Applied Genetics**, v.52, n.3, p.105-111, 1978.
- MERCADANTE, M.E.Z.; PACKER, I.U.; RAZOOK, A.G. et al. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. II – Modelo de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.31, n.4, p.1726-1733, 2002.
- MEYER, K. Estimating genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetic Selection Evolution**, v.33, p.557-585, 2001.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MIRANDA, J.A.; ROCHA, G.M.F.; BALLOTIN, L.M.V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte. **Anais...** V Simpósio internacional de coturnicultura, lavras, 2013.

- MOTA, R.R. **Avaliação genética do crescimento de bovinos da raça Simental utilizando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2012.
- MOTA, R. R. ; MARQUES, L. F. A. ; LOPES, P. S. ; SILVA, L. P. ; HIDALGO, A. M. ; LEITE, C. D. S. ; TORRES, R. A. . Random regression models in the evaluation of the growth curve of Simbrasil beef cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 528-536, 2013a.
- MOTA, R. R. ; MARQUES, L. F. A. ; LOPES, P.S. ; SILVA, L. P. ; ARAUJO NETO, F. R. ; RESENDE, M. D. V. ; TORRES, R. A. . Genetic evaluation using multi-trait and random regression models in Simmental beef cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 2465-2480, 2013b.
- MUNIZ, J.C.L. Energia metabolizável para codornas de corte. 2013. 64f. **Dissertação** (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG, 2013.
- 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, p.501-507, 2010.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; et.al.. Analysis of growth curves of Nellore cattle by multipletrait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918–926, 2003.
- NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; SILVA, L.O.C. Genetic evaluation for large data sets by random regression models in Nellore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 61, p.959-967, 2009.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.
- SAATCI, M.; OMED, H.; AP DEWI, I. Genetic Parameters from Univariate and Bivariate Analyses of Egg and Weight Traits in Japanese Quail. **Poultry Science**, v.85, p.185-190, 2006.
- SANTOS, G.G. Avaliação da trajetória genética e da sensibilidade dos valores genéticos às mudanças do nível nutricional da dieta em dois grupos de codornas de corte. 2010. 58f. **Tese** (Doutorado) - Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2010.
- 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, 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. 2007. 101p. **Tese** (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 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.

SCHAEFFER, L.R., 2009. **Random regression models.** <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>>. Acessado em setembro de 2009.

SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C. et al. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, v.153, p.27-32, 2013.

TEIXEIRA, B.B.; EUCLYDES, R.F.; TEIXEIRA, R.B. et al. Modelos de regressão aleatória para avaliação da curva de crescimento em matrizes de codorna de corte. **Ciência Rural**, v.42, n.9, p.1641-1647, 2012.

TEIXEIRA, B.B.; EUCLYDES, R.F.; TEIXEIRA, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte. **Ciência Rural, Santa Maria**, v.43, n.2, p.361-365, 2013.

TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M.; DIAS, L.T. Interação genótipo-ambiente em cruzamentos de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1677-1683, 2006.

VALENTE, B.D.; CORRÊA, G.S.S.; DIONELLO, N.L. et al. **Interaction between methionine of diet and genotype in meat type quail.** In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. Proceedings... Belo Horizonte, 2006.

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**, v.4, n.5, p.296-300, 2005.

VAN VLECK, L.D. Genotype and environment in sire evolution. **Journal of Dairy Science**, v.46, n.9, p.983-987, 1963.

VARKOOHI, S.; PAKDEL, A.; MORADI SHAHR BABAK, M. et al. Genetic parameters for feed utilization traits in Japanese quail. **Poultry Science**, 90 :42-47, 2011.

VARKOOHI, S.; MORADI SHAHR BABAK, M.; PAKDEL, A. et al. Response to selection for feed conversion ratio in Japanese quail. **Poultry Science**, 89:1590-1598, 2010.

VELOSO, R.C.; PIRES, A.V.; TIMPANI, V.D. et al. Níveis de proteína bruta e energia metabolizável em uma linhagem de codorna de corte. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v.34, n.2, p.169-174, 2012.

VENCOVSKY, R. e PACKER, I.U. Interação genótipo ambiente no melhoramento de bovinos de corte leiteiro. In: Simpósio sobre melhoramento genético de bovinos. **Anais...** Jaboticabal. UNESP, p.91-103, 1976.

VIA, S.; GOMULKIEWICZ, R.; DEJONG, G. Adaptive phenotypic plasticity – consensus and controversy. **Trends Ecol. Evol**, v.10, p.212-217,1995.

CAPÍTULO 1

Estudo da interação genótipos x níveis de proteína das dietas de codornas de corte em crescimento por meio de modelos de norma de reação

Resumo: Objetivou-se neste trabalho investigar a presença de interação de genótipos x níveis de proteína na ração sobre o peso aos 28 e 35 dias em dois grupos genéticos de codornas de corte por meio de modelos de normas de reação. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de 970 e 410 animais dos grupos genéticos UFV1 e UFV2, respectivamente, pertencentes à Granja de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Foi avaliado o peso corporal de animais no 28° e 35° dias de idade, alimentados com ração contendo níveis crescentes (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 e 29%) de proteína bruta (PB) e 2900 kcal/Kg de energia metabolizável. Foram testados modelos considerando homogeneidade e heterogeneidade de variância residual. Os modelos de regressão aleatória testados foram ajustados para efeitos fixos de sexo e eclosão, e efeito aleatório genético aditivo direto, cuja covariável foi o nível proteico da dieta, descrito por polinômios de Legendre de classe linear e quadrática. O melhor modelo de normas de reação foi verificado através dos critérios AIC e BIC. Em seguida, os modelos de melhores ajustes foram comparados pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) com o modelo animal reduzido. Não foram encontradas diferenças significativas entre estes modelos. Assim, as normas de reação não apresentaram alteração na classificação e nem na dispersão dos valores genéticos aditivos em função dos níveis de PB da dieta para o 28° dia de vida, entretanto apresentaram tendência de aumento na dispersão dos valores genéticos para 35 dias de idade em ambos os grupos genéticos. Essa mudança não é significativa de um modelo para outro, ou seja, poder-se-ia utilizar o modelo animal reduzido ao invés do modelo de normas de reação. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,53 (22% de PB) a 0,63 (29% de PB) e de 0,38 (22% de PB) a 0,58 (29% de PB), respectivamente, para peso aos 28 e 35 dias de idade do grupo UFV1. Já a UFV2 apresentou variação de 0,40 (26% de PB) a 0,57 (25% de PB) e 0,33 (22% de PB) a 0,66 (29% de PB) no 28° e 35° dia, respectivamente, com o aumento do nível proteico. Foram obtidas estimativas de correlação genética acima de 0,88 para todas as características analisadas. Com base nos resultados encontrados pode ser ressaltado a não existência de interação genótipos x níveis de proteína da dieta para a idade de 28 e 35 dias de idade para ambos os grupos avaliados. Isto implica que a avaliação poderá ser feita no menor nível de PB reduzindo custos e maximizando a produção.

Palavras chave: Coturnix coturnix, herdabilidade, interação genótipos x ambientes.

CHAPTER 1

Genotypes by protein level interaction for growth performance in meat quails via reaction norm models

Abstract: The aim of this study was to investigate the presence of genotype by protein levels interaction (G*E) in the diet in the growth period, in two different genetic lines of quails (UFV1; UFV2), using reaction norms models (RNM). Data included body weights at 28 (W28) and 35 (W35) days old on 1280 animals being 970 from UFV1 and 410 from UFV2 from Viçosa Federal University (Universidade Federal de Viçosa). Animals were fed with eight different protein level in diet (range 22-29%).and 2900 kcal / kg metabolizable energy. The lysine and methionine + cystine, threonine and tryptophan ratios were constant in all diets. Models were tested considering homogeneous and heterogeneous residual variance. RNM models were fitted considering sex and hatching as fixed effects, and direct additive genetic as random effect as well as the protein level of the diet described by Legendre polynomials as a covariance in the analyses (linear and quadratic) and finally different residual variances assumptions (homoscedasticity; heteroscedasticity). AIC and BIC criteria was used for model choice. Thereafter, the best fitted model for each line and/or trait were compared by likelihood ratio test (LRT) with a reduced animal model (RAM). No significant differences were found among models. Therefore, potential differences in re-ranking of animals for selection and additive genetic values dispersion in function of CP levels at 28 days old were not determined, whereas at 35 days old a potential increase was observed for both lines. This increasing it is not significant from one model to another, i.e., potential losses would be not expected for using RAM instead of RNM. For UFV1, heritability estimates ranged from 0.53 (22% CP) to 0.63 (29% CP) and 0.38 (22% CP) to 0.58 (29% CP) for W28 and W35, respectively, whereas, for UFV2, ranged from 0.40 (22% CP) to 0.56 (29% CP) and from 0.33 (22% CP) to 0.66 (29% CP) on the 28th and 35th day old, respectively. Genetic correlation estimates were above 0.88 for both traits. The results indicate no G*E for both lines at 28 whereas the presence of G*E at 35 days old with no potential differences in re-rankings of animal for selection in both lines. Therefore, genetic evaluations can be made with 22% CP to reduce costs as well as enhance production.

Keywords: Coturnix coturnix, heritability, genotypes x environments interaction.

1. INTRODUÇÃO

O aumento do consumo mundial de carnes tem levado os pesquisadores a buscar alternativas que possam satisfazer às novas exigências de produtos de origem animal. Neste contexto, a criação de codornas de corte se torna uma interessante alternativa. Além disso, a carne de codorna poderia ser apresentada aos consumidores como um produto “diferenciado” em termos de sabor e de qualidade nutricional.

A carne de codorna não é um produto consumido regularmente, sendo considerado um alimento requintado, servido em ocasiões especiais, e seu preço elevado ainda é um empecilho para a ampliação de seu mercado. Desse modo, um aumento no consumo de carne de codorna só será alcançado com uma produção mais eficiente (menor custo) e com melhor qualidade. Isto demanda mudança de paradigmas da coturnicultura, como, a escolha de linhagens de corte e sua alimentação com dietas mais eficientes.

A dieta, em qualquer sistema de criação animal, é responsável por considerável parte do custo de produção, sendo também, um fator determinante na eficiência produtiva de codornas de corte. As fontes proteicas são os componentes de maior participação no custo das dietas e, logo, de maior importância nas formulações de ração que devem suprir as necessidades das codornas sem onerar o custo de produção.

No Brasil, as dietas para codornas de corte são formuladas com base nos requisitos nutricionais propostos pelo NRC (1994), que não são os mais apropriados para as condições climáticas brasileiras e foram obtidos com codornas japonesas, ou naqueles propostos por SILVA & COSTA (2009), que foram obtidos com codornas europeias nas condições climáticas brasileiras. Também são usadas extrapolações das exigências nutricionais de frangos de corte ou codornas de postura. Isto pode causar impacto negativo na atividade, seja por superalimentação, pelo aumento no custo de produção e contaminação ambiental, ou pela subestimação das exigências nutricionais de codornas de corte o que gera aproveitamento inadequado do potencial genético das linhagens utilizadas.

Uma estratégia para diminuir esse custo seria utilizar dietas com níveis de proteína bruta abaixo daquele que maximiza a produção ou o lucro. Porém, essa estratégia só resulta em predições de valores genéticos válidos para dietas com diferentes níveis proteicos se houver homogeneidade de sensibilidades dos valores genéticos de diferentes indivíduos à modificação do nível de proteína bruta da dieta.

Parâmetros genéticos de peso corporal em codornas foram estimados para diferentes idades por intermédio de abordagens multicaracterísticas (VALI et al., 2005; SAATCI et al., 2006; NARINC et al., 2010; SILVA et al., 2013) e modelos de regressão aleatória em função da idade (AKBAS et al., 2004; DIONELLO et al., 2006; FELIPE, 2010; BONAFÉ, 2011). Apesar de existir alguns trabalhos relacionados (MARKS, 1979; SANTOS et al. 2008; SANTOS 2010; FELIPE, et al. 2012), ainda há poucos estudos na literatura sobre a sensibilidade heterogênea de valores genéticos aditivos preditos, decorrentes da modificação gradual do ambiente, o que caracteriza interação genótipos x ambientes, cujos resultados podem subsidiar programas de seleção de codornas de corte. A existência de heterogeneidade de sensibilidades genéticas ao nível proteico da dieta indicaria, para a maximização do potencial genético, que os programas de seleção devem ser realizados para nível específico de proteína da dieta.

Objetivou-se neste trabalho investigar a presença de interação de genótipos x níveis de proteína na ração sobre o peso aos 28 e 35 dias em dois grupos genéticos de codornas de corte por meio de modelos de normas de reação.

2. MATERIAL E MÉTODOS

As informações utilizadas nestas análises foram provenientes de um experimento com codornas de corte pertencentes ao Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa (UFV).

Os animais usados nesse experimento foram provenientes de dois grupos genéticos de codornas de corte (UFV1 e UFV2), onde foram usados 102 reprodutores e 204 matrizes, com uma proporção sexual de um macho para duas fêmeas. Em cada fase, os ovos foram coletados durante 10 dias e enviados para uma incubadora por 14 dias e posteriormente em uma nascedoura durante três dias, totalizando 17 dias até o nascimento dos animais. No dia da eclosão as progênies receberam identificação para anotação do pedigree, além da medida do peso corporal no primeiro dia de vida. Os animais foram distribuídos em boxes de alvenaria e tela, para avaliação do desempenho, com dimensão de 1,00m x 0,80m, totalizando 24 boxes utilizados em cada linhagem, com seis boxes para cada nível de ração. Cada boxe foi coberto com cama de maravalha, aquecimento através de campânulas, comedouro tipo prato e bebedouro tipo copo de pressão, sendo que ração e água foram fornecidos à vontade. A partir do 14º dia de vida, foram utilizados bebedouros automáticos tipo chupeta (nipple) e comedouros

tubulares. Foram utilizados rações com oito diferentes níveis de proteína bruta (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 e 29%) e 2900 Kcal de energia metabolizável (Tabela 1), formuladas com base nas Tabelas para Codornas Japonesas e Europeias (SILVA, 2009), mantendo a relação constante entre aminoácidos com a lisina.

Tabela 1 - Composição das dietas experimentais de codornas alimentadas com dietas únicas do nascimento aos 35 dias de idade.

Ingredientes	Níveis de Proteína Bruta							
	22	23	24	25	26	27	28	29
Milho	58,60	55,19	51,78	48,38	44,97	41,56	38,16	34,75
Farelo de Soja	37,86	40,69	43,52	46,35	49,17	52,00	54,83	57,66
Óleo Vegetal	0,60	1,17	1,74	2,31	2,87	3,44	4,01	4,58
Calcário	1,07	1,06	1,05	1,05	1,04	1,03	1,03	1,02
Fosfato bicálcico	0,95	0,93	0,92	0,91	0,90	0,88	0,87	0,86
Sal	0,35	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36
DL-metionina	0,24	0,27	0,30	0,33	0,36	0,40	0,43	0,46
Cloreto de colina	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
Míst. Mineral	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07
Míst. Vitamínica	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
Antioxidante	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Avilamicina 10%	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
Coccidiostático	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
Total	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
Composição Calculada								
PB (%)	22,14	23,16	24,18	25,20	26,22	27,23	28,25	29,27
EM (Kcal/Kg)	2900	2900	2900	2900	2900	2900	2900	2900
Cálcio (%)	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75
Fósforo Disp. (%)	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29
Lisina Dig. (%)	1,09	1,15	1,22	1,28	1,35	1,41	1,48	1,54
Met+Cis Dig. (%)	0,85	0,90	0,95	1,00	1,05	1,10	1,15	1,20
Treonina Dig. (%)	0,75	0,79	0,82	0,86	0,89	0,93	0,96	1,00
Triptofano Dig. (%)	0,25	0,26	0,28	0,29	0,30	0,32	0,33	0,34
Relação de aminoácidos/lisina								
Met+Cis Dig.	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78
Treonina Dig. (%)	0,69	0,68	0,68	0,67	0,66	0,66	0,65	0,65
Triptofano Dig. (%)	0,23	0,23	0,23	0,22	0,22	0,22	0,22	0,22

O experimento foi realizado em duas eclosões (duas fases) utilizando quatro níveis de proteína bruta em cada fase. Essas fases foram necessárias devido à limitação do número de aves nascidas por eclosão e ao número de boxes disponíveis, sendo utilizados seis boxes para cada nível de proteína bruta por linhagem. Foram dispostos os níveis 22, 24, 26 e 28 % de proteína bruta na ração, na primeira fase e os níveis 23, 25, 27 e 29% na segunda fase.

Cada boxe recebeu aproximadamente 20 animais provenientes da linhagem UFV1 e 10 animais da UFV2. Essa diferença no número de animais é devido ao menor número

de matrizes da linhagem UFV2. A distribuição dos animais e o nível de ração empregado em cada boxe foram realizados ao acaso. O experimento seguiu um delineamento inteiramente casualizado (DIC).

Além do peso inicial (dia do nascimento), os animais foram pesados individualmente com 7, 14, 21, 28 e 35 dias de vida, sendo o último considerado como peso ao abate. Aos 21 dias de idade além da pesagem foi realizada a sexagem dos animais.

O conjunto de dados após descarte de observações de animais cujo sexo não foi identificado ou que apresentaram peso maior ou menor que três desvios-padrão em relação ao peso médio das codornas em cada idade analisada, continha a identificação do animal, pai, mãe, sexo, eclosão, peso corporal nos 28 e 35 dias de idade e nível de proteína bruta da dieta (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 e 29%), para 970 e 410 animais dos dois grupos genéticos de codornas de corte UFV1 e UFV2, respectivamente. Para organização do banco de dados foi utilizado o software SAS (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA).

As análises foram realizadas sob modelo animal unicaracterístico por meio de regressão aleatória. Os modelos de regressão aleatória (MRA) podem ser estudados por dois conjuntos de regressão dos pesos, em função dos níveis proteicos na dieta. O primeiro diz respeito à regressão fixa para os indivíduos pertencentes à mesma classe de efeitos fixos e, o segundo, é o aleatório que descreve os desvios de cada indivíduo em relação à regressão fixa. As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, e um MRA foi ajustado para o efeito aleatório genético aditivo direto, cuja covariável (nível proteico da dieta) foi descrita por polinômios de Legendre. A regressão fixa para peso médio dentro de sexo e eclosão, assim como, as regressões aleatórias genético-aditivas do animal foram modeladas utilizando-se polinômios ortogonais de Legendre. O mesmo modelo de avaliação foi utilizado nos quatro arquivos (combinação de idade e grupo genético) e foi definido como:

$$y_{hijl} = \sum_{k=0}^{K-1} b_{jik} \phi_k(p_l) + \sum_{k=0}^{K-1} a_{hk} \phi_k(p_l) + e_{hijl}$$

em que y_{hijl} é a observação do animal h aos 28 e aos 35 dias, da eclosão i , do sexo j , alimentado com dieta de nível proteico l ; b_{jik} é o coeficiente regressão fixo do polinômio de Legendre de ordem K atribuído a eclosão i e ao sexo j aninhado ao nível proteico; a_{hk} é o coeficiente de regressão aleatória k de efeito genético aditivo direto atribuído ao

animal h ; $\phi_k(p_l)$ é o polinômio de Legendre de ordem K atribuído ao nível proteico l , e e_{hijl} é o resíduo associado à observação y_{hijl} .

Na forma matricial, este modelo é especificado como:

$$y = Xb + Za + e ,$$

em que y é o vetor de observações, b é o vetor de coeficientes de regressão fixos relacionado ao sexo e a eclosão, a é o vetor de coeficientes de regressão aleatória atribuído ao efeito genético aditivo direto, X e Z sendo os vetores de incidência de efeitos em b e a , contendo polinômios de Legendre relativos ao nível da variável controle adotada (PB) utilizado na observação e e é o vetor de resíduos.

Considera-se ainda que:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & \sigma_{b_0 b_1} \\ \sigma_{b_0 b_1} & \sigma_{b_1}^2 \end{bmatrix}, \text{ para efeito linear.}$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & \sigma_{b_0 b_1} & \sigma_{b_0 b_2} \\ \sigma_{b_0 b_1} & \sigma_{b_1}^2 & \sigma_{b_1 b_2} \\ \sigma_{b_0 b_2} & \sigma_{b_1 b_2} & \sigma_{b_2}^2 \end{bmatrix}, \text{ para efeito quadrático.}$$

$$V(y) = Z(A \otimes G)Z' + R$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix},$$

em que: G é a matriz de (co)variâncias dos coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos; $\sigma_{b_0}^2$ e $\sigma_{b_1}^2$ são os componentes de variância dos coeficientes de regressão do polinômio de Legendre relacionados ao intercepto e à inclinação da reta atribuída ao efeito genético aditivo direto, respectivamente, $\sigma_{b_0 b_1}$ é o componente de covariância entre estes coeficientes; $V(y)$ é a matriz de (co)variância das observações; $V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix}$ é a variância do vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos e aleatórios residuais; e A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright e R é a matriz diagonal de variâncias residuais com elementos que dependem da estrutura empregada, uma vez que, as variâncias residuais foram estimadas por meio de coeficientes de regressão de funções de variâncias, ajustadas por polinômios de

Legendre, com ordem variando de dois a três, ou seja, linear e quadrática. Assim, $R = R_0 \otimes I$, onde R_0 é a matriz de variâncias e covariâncias residuais.

As regressões fixas testadas foram de ordem dois ou três, e para o efeito genético aditivo direto foram utilizados polinômios linear e quadrático. Além disso, a estrutura de variâncias residuais foi modelada primeiramente por modelos considerando homogeneidade e após a escolha do modelo de melhor ajuste, foram realizadas análises considerando variância residual heterogênea por divisão dos níveis da variável controle (nível de proteína bruta da dieta) em duas classes de resíduo (22 a 25% de PB e 26 a 29% de PB); três classes (22 a 24%, 25 a 27% e 28 a 29% de PB); quatro classes (22 a 23%, 24 a 25%, 26 a 27% e 28 a 29% de PB) e oito classes de resíduo.

Após a escolha do melhor modelo ajustado para cada característica analisada, foi realizada uma avaliação de comparação pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) entre estes modelos ajustados e o modelo animal reduzido para verificação da necessidade de utilização de normas de reação.

Os componentes de (co)variância, herdabilidades e valores genéticos, atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados através de modelos de regressão aleatória de normas de reação, por meio do software WOMBAT (MEYER, 2007) que utiliza a Máxima Verossimilhança Restrita (REML).

Após a obtenção de G , estimações das variâncias e covariâncias genéticas aditivas diretas para qualquer nível proteico ou combinação de níveis proteicos 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 proteico da dieta. Assim, a covariância genética aditiva direta entre os níveis proteicos i e j ($\sigma_{a_{ij}}$) foi obtida por:

$$\sigma_{a_{ij}} = Z_i G Z_j',$$

em que:

$$\begin{aligned} Z_i &= [\phi_0(i) \quad \phi_1(i) \quad \phi_2(i)] \\ Z_j &= [\phi_0(j) \quad \phi_1(j) \quad \phi_2(j)]' \end{aligned}$$

onde, Z é o vetor contendo os efeitos de média e níveis de proteína na dieta, linear e quadrático para este estudo.

Uma vez estimada a estrutura de variância genética para o peso corporal aos 28 e 35 dias de idade, a herdabilidade direta da característica foi também estimada para qualquer ponto entre 22 e 29% de proteína bruta da dieta, 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 protéico da dieta.

Os modelos foram comparados usando-se os testes do logaritmo da função de verossimilhança (Log L), as formas de máxima verossimilhança restrita dos Critérios de Informação de Akaike (AIC), o Critério Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993) e pelo teste da razão de verossimilhança (LRT).

Os critérios de informação AIC e BIC impõem penalidades de acordo com o número de parâmetros a serem estimados e são definidos como segue:

$$\text{AIC} = -2\ln L + 2p, \text{ e}$$

$$\text{BIC} = -2\ln L + p\ln(N-r(X)),$$

em que $-2\ln L$ é a deviance do modelo, p é o número de parâmetros estimados, N o número de observações, $r(X)$ o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos do modelo e $\ln L$ o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita.

Já a estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão $LRT_{ij} = 2\ln L_i - 2\ln L_j$ em que $\ln L_i$ é o máximo da função de verossimilhança para o modelo de regressão aleatória para normas de reação i , e $\ln L_j$, o máximo da função de verossimilhança para o modelo animal reduzido j . A estimativa LRT foi comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) tabelado, com n graus de liberdade e nível de significância de 5%. As conclusões foram feitas da seguinte maneira: se $LRT > \chi_{\text{tab}}^2 (n; 0,05)$ o teste é significativo e o modelo de regressão fornece melhor ajuste, em relação ao modelo reduzido. A hipótese de nulidade testada foi de que os modelos, de regressão e reduzido, não diferiam entre si.

Outro critério utilizado é o número de parâmetros, haja vista que modelos mais parcimoniosos são preferíveis, devido a menores erros nas estimativas dos parâmetros, menor tempo de análise, maior facilidade de convergência e menores erros de predições causados por ineficiência do conjunto software-hardware.

3. RESULTADOS

Os resultados referentes aos testes de comparação de modelos considerando homogeneidade de variâncias residuais estão descritos na Tabela 2. Foram utilizados diferentes números de observações para as duas idades e para os dois grupos genéticos, devido à edição e correção do conjunto de dados, onde foram descartadas as observações de animais cujo sexo não foi identificado ou que apresentaram peso maior ou menor que três desvios-padrão em relação ao peso médio das codornas em cada idade analisada. Os valores do máximo da função do logaritmo de verossimilhança (log L), assim como, os critérios de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), de modo geral, foram menores em modelos menos parametrizados. Considerando a ordem dos polinômios, podemos observar que, para as quatro análises, os modelos que tomaram segunda ordem de ajuste para efeito aleatório genético aditivo direto tiveram melhores índices para AIC e BIC.

Tabela 2 – Modelos, número de observações (N), número de parâmetros (p), Log L, AIC e BIC para os polinômios ortogonais de Legendre, considerando homogeneidade de variâncias residuais.

Arquivo de dados	Modelo*	N	P	Log L	AIC	BIC	
UFV1	LEG22_H1	966	4	-3309,103	6626,206	6645,678	
	28 LEG23_H1	966	7	-3307,726	6629,452	6663,528	
	LEG32_H1	966	4	-3309,478	6626,956	6646,424	
	LEG33_H1	966	7	-3308,102	6630,204	6664,272	
	35	LEG22_H1	970	4	-3639,836	7287,672	7307,160
		LEG23_H1	970	7	-3637,795	7289,590	7323,694
		LEG32_H1	970	4	-3638,092	7284,184	7303,668
		LEG33_H1	970	7	-3636,062	7286,124	7320,222
UFV2	LEG22_H1	410	4	-1398,098	2804,196	2820,212	
	28 LEG23_H1	410	7	-1395,772	2805,544	2833,570	
	LEG32_H1	410	4	-1397,583	2803,166	2819,172	
	LEG33_H1	410	7	-1395,334	2804,668	2832,678	
	35	LEG22_H1	409	4	-1554,685	3117,370	3133,374
		LEG23_H1	409	7	-1552,804	3119,608	3147,618
		LEG32_H1	409	4	-1553,198	3114,396	3130,392
		LEG33_H1	409	7	-1551,588	3117,176	3145,170

*Modelo: LEG_{xy}H_w, em que x e y correspondem às ordens dos polinômios para a curva fixa e para os efeitos aleatórios genético aditivo, respectivamente, e w, ao número de classes de variâncias residuais; valores em negrito indicam o melhor modelo com base no AIC e BIC.

A partir dos melhores modelos considerando homogeneidade de variância residual foram avaliados modelos considerando existência de heterogeneidade por divisão dos níveis da variável controle (nível de proteína bruta da dieta) em duas classes de resíduo

(22 a 25% de PB e 26 a 29% de PB); três classes (22 a 24%, 25 a 27% e 28 a 29% de PB); quatro classes (22 a 23%, 24 a 25%, 26 a 27% e 28 a 29% de PB) e oito classes de resíduo (Tabela 3).

Tabela 3 – Modelos, número de observações (N), número de parâmetros (p), Log L, AIC e BIC para os polinômios ortogonais de Legendre, considerando heterogeneidade de variâncias residuais.

Arquivo de dados	Modelo*	N	P	Log L	AIC	BIC
UFV1	LEG22_H1	966	4	-3309,103	6626,206	6645,678
	LEG22_H2	966	5	-3308,923	6627,846	6652,186
	28 LEG22_H3	966	6	-3306,939	6625,878	6655,086
	LEG22_H4	966	7	-3305,669	6625,338	6659,414
	LEG22_H8	966	11	-3304,572	6631,144	6684,692
	LEG32_H1	970	4	-3638,092	7284,184	7303,668
	LEG32_H2	970	5	-3637,758	7285,516	7309,872
	35 LEG32_H3	970	6	-3637,147	7286,294	7315,520
	LEG32_H4	970	7	-3636,779	7287,558	7321,656
	LEG32_H8	970	11	-3634,693	7291,386	7344,968
UFV2	LEG32_H1	410	4	-1397,583	2803,166	2819,172
	LEG32_H2	410	5	-1393,894	2797,788	2817,794
	28 LEG32_H3	410	6	-1395,974	2803,948	2827,956
	LEG32_H4	410	7	-1393,832	2801,664	2829,874
	LEG32_H8	410	11	-1391,409	2804,818	2848,834
	LEG32_H1	409	4	-1553,198	3114,396	3130,392
	LEG32_H2	409	5	-1552,939	3115,878	3135,874
	35 LEG32_H3	409	6	-1553,079	3118,158	3142,152
	LEG32_H4	409	7	-1551,792	3117,584	3145,576
	LEG32_H8	409	11	-1547,676	3117,352	3161,340

*Modelo: LEG_xyH_w, em que x e y correspondem às ordens dos polinômios para a curva fixa e para os efeitos aleatórios genético aditivo, respectivamente, e w, ao número de classes de variâncias residuais; valores em negrito indicam o melhor modelo com base no AIC e BIC.

Após a realização da escolha dos modelos que tiveram melhores ajustes tomando como base o modelo de normas de reação, foram realizadas comparações entre estes modelos e o modelo animal reduzido (sem os níveis de PB), usando o teste de razão de verossimilhança (LRT), visando verificar a necessidade do uso de modelos de normas de reação para os dados utilizados nesta análise, para avaliar a existência de interação genótipos x ambientes. Os resultados para esta avaliação dos modelos estão apresentados na Tabela 4. De acordo com o LRT utilizado nessa avaliação, a diferença entre o modelo animal reduzido e o modelo que continha efeito genético aditivo direto em função do nível de proteína não foi significativa nas quatro combinações de peso e grupo genético (Tabela 4). Esses resultados indicam que a norma de reação poderia ser utilizada no modelo com regressão aleatória, porém não encontraria interação genótipos x ambientes, assim como, o modelo reduzido ao qual não diferiram estatisticamente.

Tabela 4 – Modelos, número de observações (N), número de parâmetros (p), Log L, AIC, BIC e TRV para o modelo animal reduzido e os modelos de normas de reação.

Arquivo de dados	Modelo*	N	p	Log L	AIC	BIC	LRT	
UFV1	28	Reduzido	966	2	-3313,409	6630,818	6640,554	-
		LEG22_H1	966	4	-3309,103	6626,206	6645,678	8,612 ^{ns}
	35	Reduzido	970	2	-3645,57	7285,144	7304,888	-
		LEG32_H1	970	4	-3638,092	7284,184	7303,668	14,960 ^{ns}
UFV2	28	Reduzido	410	2	-1419,73	2843,450	2851,458	-
		LEG32_H2	410	5	-1393,894	2797,788	2817,794	51,662 ^{ns}
	35	Reduzido	409	2	-1583,77	3171,530	3179,532	-
		LEG32_H1	409	4	-1553,198	3114,396	3130,392	61,134 ^{ns}

*Modelo: LEG_{xy}H_w, em que x e y correspondem às ordens dos polinômios para a curva fixa e para os efeitos aleatórios genético aditivo, respectivamente, e w, ao número de classes de variâncias residuais; valores em negrito indicam o melhor modelo com base no AIC e BIC. ^{ns} não significativo ao nível de 5% de probabilidade.

As estruturas de covariância genéticas aditivas diretas em função do nível de PB da dieta estimadas para os dois grupos genéticos em ambas as idades de avaliação estão apresentadas na Figura 1. Observa-se que as estruturas estimadas não apresentam intensa inclinação em direção aos maiores valores de proteína bruta, mas verificam-se maiores valores de covariância para as combinações entre os maiores valores de nível proteico, exceto para o peso de 28 dias do grupo UFV2 que permaneceu estável.

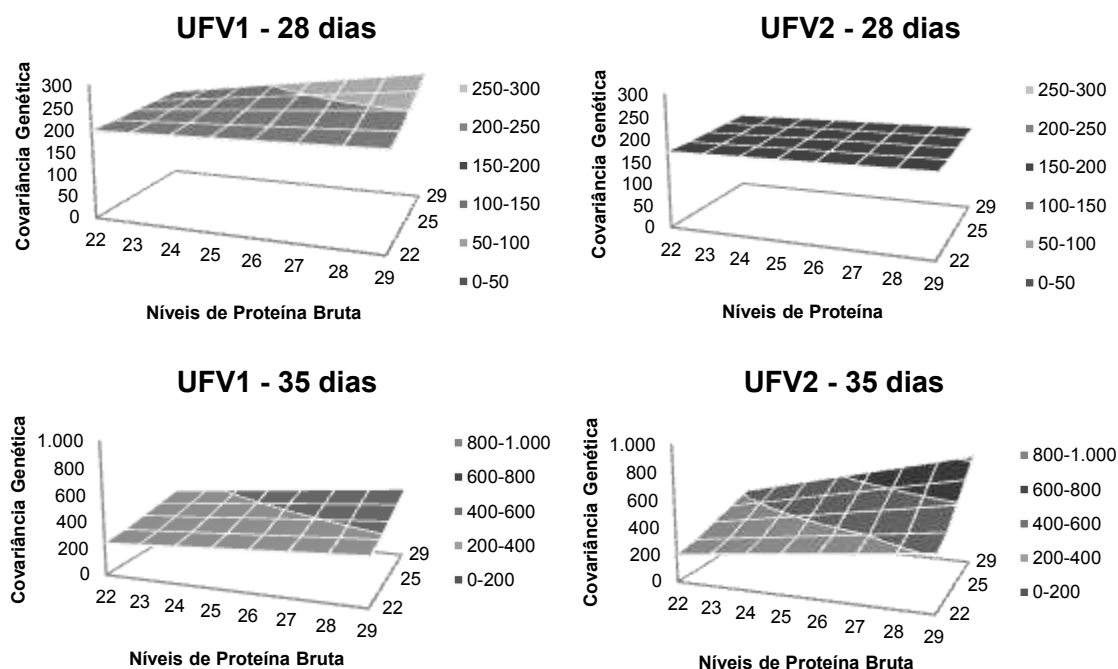


Figura 1. Estruturas de covariância do efeito genético aditivo direto em função do nível de proteína bruta da dieta estimada no 28º e 35º dia de idade para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

As variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais estão apresentadas na Figura 2. Para os 28 dias de idade no grupo UFV1, as variâncias não foram fortemente afetadas pelo ambiente, ficando próximas das variâncias genéticas, equivalente ao esperado pelo modelo ajustado para esta análise considerando variância residual homogênea. Entretanto, para a UFV2 as variâncias foram afetadas pelo ambiente, devido às duas classes residuais utilizadas no modelo para esta análise, no qual, considerou heterogeneidade de variância residual. Aos 35 dias de idade, a variância ambiental foi constante, embora de maior intensidade que aos 28 dias, distanciando a variância fenotípica da genética.

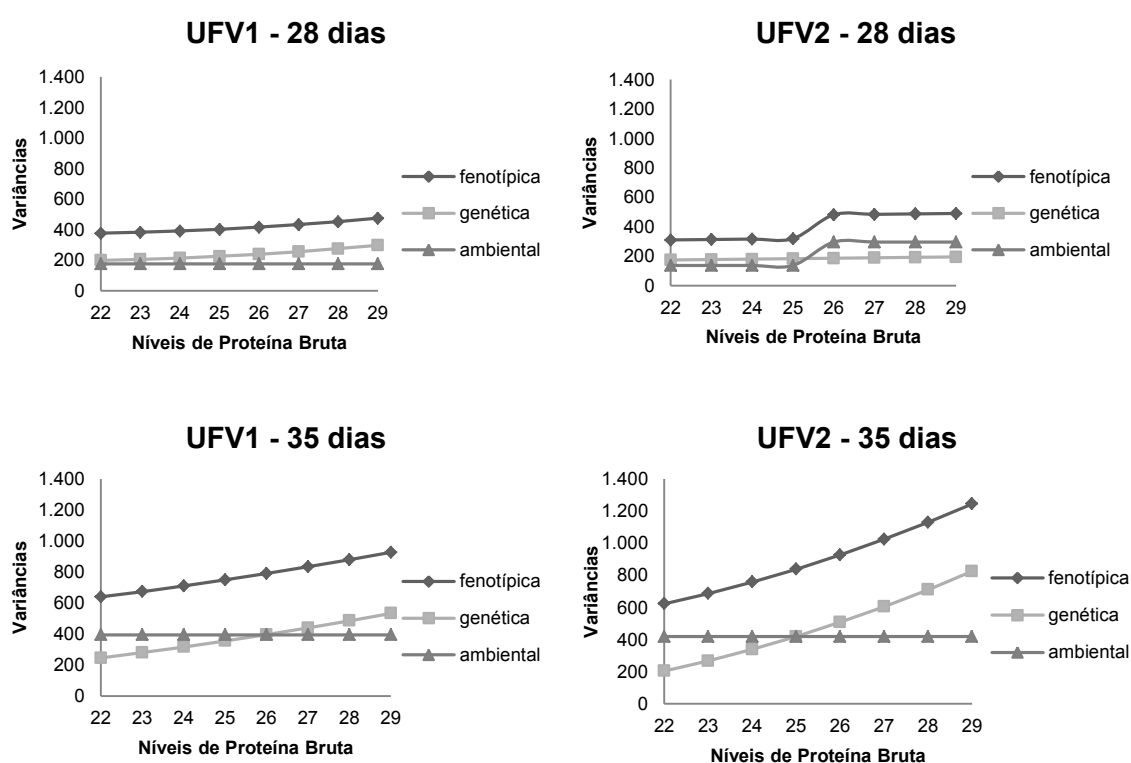


Figura 2. Variâncias genética, ambiental e fenotípica estimadas para pesos no 28° e 35° dias de idade para os grupos genéticos UFV1 e UFV2, em função do nível proteico da dieta.

As herdabilidades estimadas para todas as combinações de idade e grupo genético estão apresentadas na Figura 3. Houve mudança no valor de herdabilidade para todas as idades/grupo genético com a mudança no nível de proteína bruta, com tendência de aumento gradual, em maior ou menor escala dependendo do grau de inclinação da estrutura de (co)variância já apresentada, com o aumento do nível proteico, para o peso no 28° dia de idade para o grupo UFV1 e para peso no 35° dia para os dois grupos. Para a UFV2, aos 28 dias de idade, o comportamento das herdabilidades se altera, podendo

observar uma queda abrupta nos valores estimados no gráfico proporcionado pelo modelo utilizado, considerando duas classes residuais.

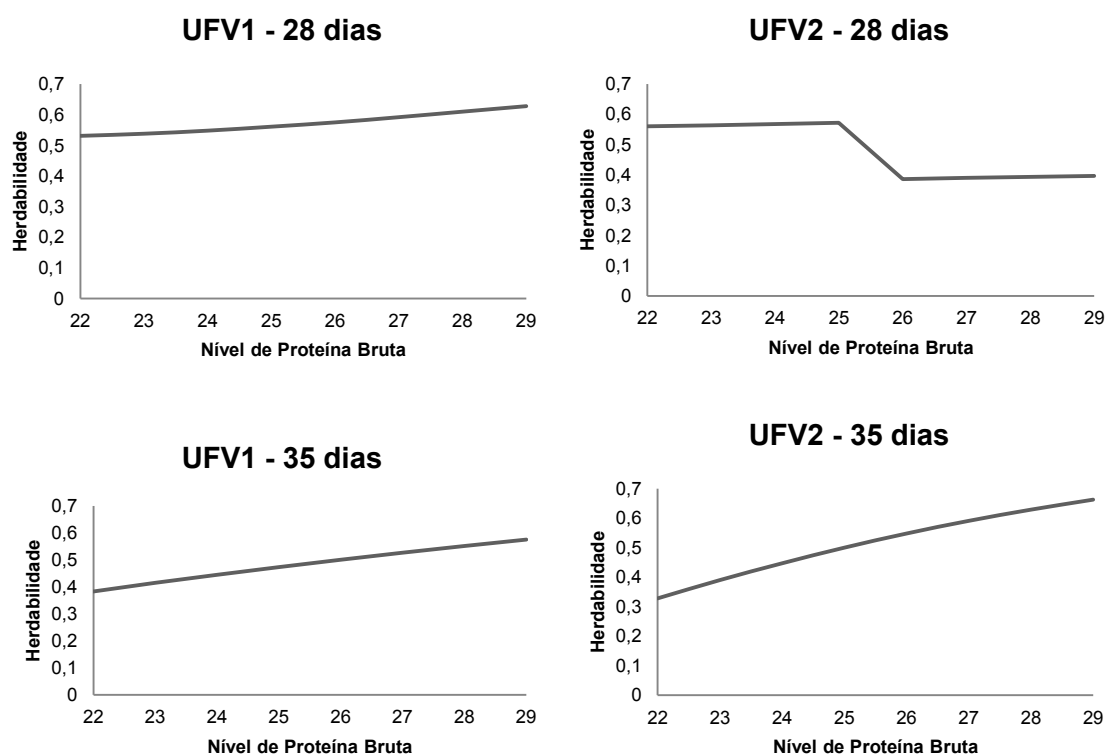


Figura 3. Herdabilidades diretas estimadas dos pesos ao 28º e 35º dias de idade de codornas de corte para os grupos genéticos UFV1 e UFV2 em função do nível de proteína bruta da dieta.

As normas de reação para 25 codornas, amostradas aleatoriamente entre todas as avaliadas, para cada análise, estão representadas na Figura 4. Houve homogeneidade de sensibilidade dos valores genéticos submetidos à mudança no gradiente nutricional em todas análises, ou seja, ambos os grupos apresentaram um leve aumento do valor genético com o aumento do nível proteico, porém sem alteração na dispersão dos dados ou na classificação genética.

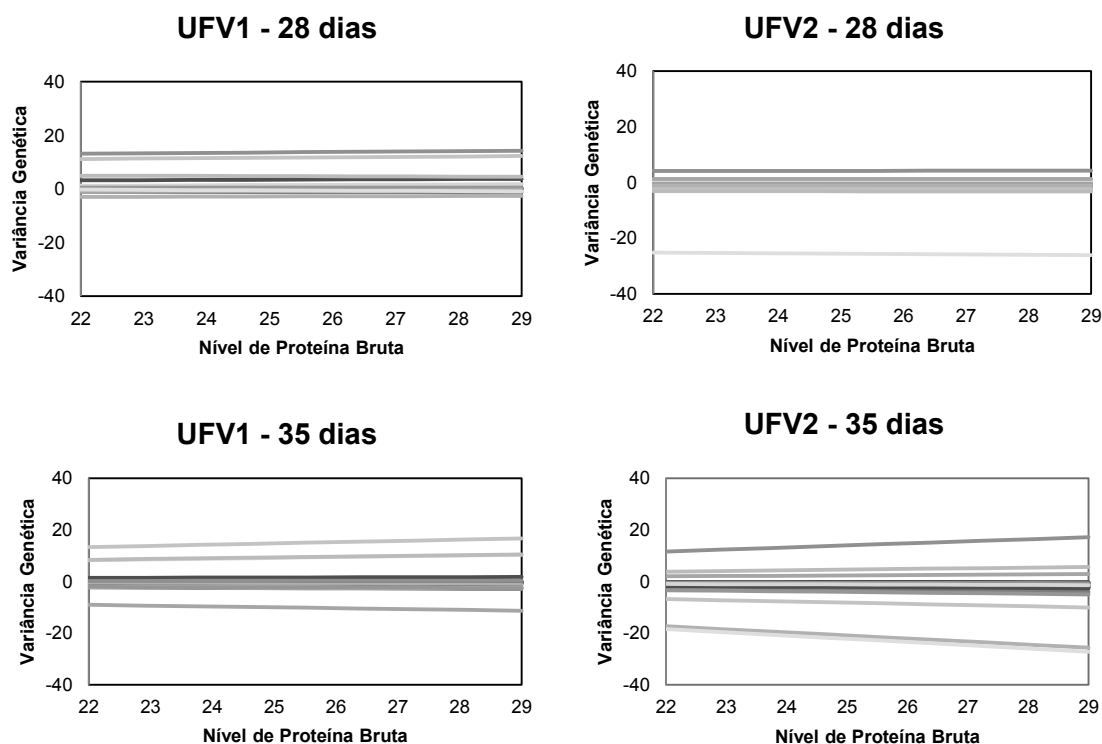


Figura 4. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 animais amostrados aleatoriamente no 28º e 35º dias de idade para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

4. DISCUSSÃO

A partir dos valores apresentados na Tabela 2 para modelos considerando homogeneidade de variância residual, podemos verificar que dois modelos foram mais adequados de acordo com os critérios estatísticos adotados. O modelo LEG22_H1, com quatro parâmetros, apresentou-se mais adequado pelo critério AIC e BIC para peso de 28 dias de idade do grupo UFV1. Todavia, para as demais análises, o melhor modelo para os critérios adotados foi o LEG32_H1, com quatro parâmetros, que apresentou menores valores nestes critérios, o que permitiu verificar efeito linear para a parte genética aditiva e efeito quadrático para os efeitos fixos de sexo e eclosão. Diferente do melhor modelo apresentado para peso aos 28 dias da linhagem UFV1, onde considera efeito linear para a parte genética e fixa, tomando como covariável o nível de proteína bruta na ração.

Apesar desses resultados, é importante a avaliação da necessidade de considerar a heterogeneidade de variâncias residuais ao longo do gradiente nutricional avaliado, pois pode haver melhorias na partição da variação total e com isso melhores estimativas dos parâmetros genéticos.

Com o aumento no número de classes há mais parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança e modelos mais parametrizados podem possuir maiores problemas de convergência e de estimação, o que pode dificultar a utilização dos modelos de regressão aleatória em avaliações genéticas com grande volume de dados. Neste sentido, busca-se a utilização de modelos mais parcimoniosos, sem perda da qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios considerados. Os resultados dos modelos considerando heterogeneidade de variâncias residuais estão apresentados na Tabela 3.

Os modelos que consideraram a homogeneidade de variância residual se mostraram melhores do que aqueles que consideraram a variância do resíduo heterogênea dado pelos menores valores de AIC e BIC (Tabela 3), com exceção para a análise de peso aos 28 dias de idade da UFV2, onde o modelo considerando duas classes de resíduo apresentou melhores ajustes. Portanto, para a avaliação da interação genótipos x ambientes foram adotados, o modelo que considerou a variância residual dividida em duas classes de proteína bruta, sendo elas: 22 a 25% e 26 a 29% de PB, para peso de 28 dias para o grupo genético UFV2 e o modelo que considerou homogeneidade de variância residual, para as demais análises.

A existência de heterogeneidade de sensibilidade genética ao nível proteico da dieta para a UFV2 aos 28 dias indica, para a maximização do potencial genético, que o programa de seleção adotado para esse grupo e essa idade, deve ser realizado para nível específico de proteína bruta.

Apesar de ter sido encontrado homogeneidade de variância residual na maior parte das análises testadas neste trabalho, outros autores também verificaram a necessidade de se considerar a heterogeneidade de variância residual em modelos para curva de crescimento (MEYER,2000; SARMENTO et al., 2007; SOUSA et al., 2008; BONAFÉ, 2008; SANTOS, 2010; FELIPE, 2010) e produção de leite no dia do controle (BRITO, 2012) devido ao efeito de escala das medidas repetidas em diferentes épocas da vida do animal como também no estudo da interação genótipos x ambientes (CALUS et al., 2006).

As estruturas estimadas de covariância genéticas aditivas em função do nível proteico da dieta para peso aos 35 dias de idade apresentadas na Figura 1, são similares as encontradas por BONAFÉ, 2011 e FELIPE, 2010, porém com menor grau de variação com a mudança do gradiente nutricional. A forma da superfície de representação da estrutura de (co)variância, desconsiderando-se a questão da escala, apresentou-se semelhante nas diferentes idades dentro de cada linhagem, com exceção

para a superfície referente ao peso de 28 dias da UFV2 que permaneceu estável, apresentando comportamento coerente com a norma de reação. As mudanças nos valores de variância e covariância do efeito genético aditivo, observadas na Figura 1, demonstram a utilidade das funções de covariância para este tipo de estudo.

Os resultados apresentados na Figura 2 para as variâncias fenotípica, genética e ambiental encontradas neste trabalho para peso aos 28 dias da UFV1 são similares ao encontrado por BONAFÉ (2011) para 21 dias deste mesmo grupo genético. Aos 35 dias de idade em ambos os grupos, a influência ambiental foi constante, mas o valor fenotípico foi influenciado pela variabilidade genética, que apresentou acréscimo com aumento do nível de proteína bruta, o que indica que ocorre crescimento da porção da variância fenotípica que é atribuída à variância genética aditiva direta em idades mais avançadas. Dessa forma, respostas à seleção, em relação à variância fenotípica, ocorrem de maneira mais intensa quando se utiliza o valor genético de peso no 35º dia, no critério de seleção.

As estimativas de herdabilidade apresentadas na Figura 3 para o grupo genético UFV1, demonstram que o valor da herdabilidade tendeu a ser mais alto no 28º dia do que no 35º dia de idade. Entretanto, para o peso aos 35 dias a inclinação da estrutura de herdabilidade foi maior que para peso aos 28 dias, com aumento do nível proteico. Para o grupo UFV2 aos 28 dias de idade, é possível identificar visualmente a divisão das duas classes residuais utilizadas no modelo para esta análise. Isto ocorre em decorrência do valor diferenciado do componente de variância residual, que entra como denominador no cálculo do valor de h^2 , e, como consequência, os menores valores de herdabilidade, para essa análise, estão compreendidos no intervalo de 26 a 29% de PB onde o valor de variância residual foi maior. Já para peso aos 35 dias o comportamento da herdabilidade se altera aumentando consideravelmente com o incremento do nível de proteína bruta na dieta. Portanto, a utilização do valor genético aos 35 dias de idade no critério de seleção é mais indicada com base na maior intensidade de resposta a seleção em relação à variância fenotípica, com aumento de níveis proteicos na dieta. Além disso, o uso de modelos de regressão aleatória além de permitir a utilização eficiente de toda informação disponível de cada animal, permite também, considerar mudanças na média e variância da característica ao longo do gradiente testado, assim como estimar o ponto de maior herdabilidade e consequente maior ganho genético. Sendo assim, pode-se observar que foram encontrados pontos que indicam maior ganho genético nos maiores níveis de proteína bruta, e maiores ganhos na idade de 35 dias, visto que, nesta idade foi encontrado maior inclinação da estrutura da herdabilidade (Figura 3). Esses

resultados apresentam valores superiores aos encontrados por BONAFÉ (2011) trabalhando com os mesmos grupos genéticos utilizados neste trabalho, em outro estágio de seleção, e corroboram com os apresentados por FELIPE (2010) e SANTOS (2010), avaliando os grupos EV1 e EV2.

As normas de reação apresentadas na Figura 4, para o 35º dia de idade para os dois grupos genéticos não apresentam reordenamento dos animais quanto ao valor genético com o aumento do gradiente proteico dietético, todavia, apresentam pequeno aumento na dispersão dos valores genéticos, indicando uma tendência a ocorrer interação genótipos x ambientes. Entretanto, essa mudança na dispersão não é significativa para indicar a existência da IGA, visto que, não é observada diferença estatística entre modelos de normas de reação e modelo animal reduzido, para nenhuma característica avaliada (Tabela 4). Estes resultados são divergentes aos encontrados por BONAFÉ (2011) e FELIPE (2012), onde encontraram reordenamento dos valores genéticos. Entretanto, resultados semelhantes para normas de reação foram encontrados por SANTOS (2008); FELIPE (2010) e SANTOS (2010) estudando linhagens de codornas de corte.

No 28º dia de idade, não foi observada alteração na classificação genética e nem modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos em função dos níveis de proteína bruta da dieta, indicando homogeneidade de sensibilidades de valores genéticos aditivos à mudança ambiental, o que caracteriza a não existência de interação genótipos x ambientes nesta idade para ambos os grupos avaliados (Figura 4). Resultado semelhante foi encontrado por SANTOS (2010) para 21 dias de idade em codornas de corte.

Portanto, para os grupos genéticos avaliados neste trabalho, não foi verificado interação genótipos x ambientes para nenhuma idade avaliada e nenhum grupo genético. Entretanto, detectou-se um aumento na dispersão dos valores genéticos aos 35 dias de vida, ou seja, os animais com melhor desempenho nos menores níveis proteicos também o serão nos maiores níveis de PB na dieta.

Os resultados apresentados para normas de reação e pelo teste de razão de verossimilhança para comparação dos modelos de normas de reação e modelo animal reduzido indicam que, apesar de existir uma mudança no desempenho dos animais com a alteração do nível proteico na ração, essa mudança não é significativa de um modelo para outro, ou seja, poder-se-ia utilizar o modelo animal reduzido ao invés do modelo de normas de reação, uma vez que, em termos genéticos, os animais selecionados seriam os mesmos, independente do modelo e do nível proteico na ração.

5. CONCLUSÃO

Não foi verificada a existência de interação genótipos x ambientes para peso corporal 28 e 35 dias de idade nos dois grupos genéticos de codornas de corte estudados.

Avaliações genéticas realizadas para codornas pertencentes aos dois grupos genéticos avaliados, alimentadas com ração contendo diferentes níveis proteicos, permitem a predição de valores genéticos válidos para todos os níveis de PB, ou seja, a avaliação poderá ser feita no menor nível de PB reduzindo custos e maximizando a produção.

O modelo animal reduzido pode ser utilizado para análises futuras para os grupos genéticos e as idades avaliadas neste estudo, visando menores erros nas estimativas dos parâmetros, menos tempo de análise e maior facilidade de convergência.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKBAS, Y.; TAKMA, Ç.; YAYLAK, 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.

BONAFÉ, C.M. Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 2008. 49p. **Dissertação** (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2008.

BONAFÉ, C.M. Sensibilidade de valores genéticos às modificações de níveis de proteína das dietas e avaliação de carcaça de codornas de corte em crescimento. 2011. 54f. **Tese** (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2011.

BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R. 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.

BRITO, L.F. Modelagem da produção de leite de cabras das raças alpina e saanen utilizando regressão aleatória. 2012. **Dissertação** (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2012.

CALUS, M.P.L.; POOL, M.H.; VEERKAMP, R.F. Heterogeneous variances and genotype x environment interaction in a random regression test-day model. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006. CD-ROM.

DIONELLO, N.J.L.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Efeitos maternos e permanentes na avaliação genética de linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. João Pessoa, PB: **Anais...** João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006 (CD-ROM), 2006.

FELIPE, V.P.S. Estudo da interação genótipo-ambiente em codornas de corte. 2010. 61f. **Dissertação** (Mestrado) - Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2010.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R. et al. 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.991-1000, 2012.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.2, p.979-993, 1990.

MARKS, H.L. Long term selection for four-week body weight in Japanese quail under different nutritional environments. **Tag Theoretical and Applied Genetics**, v.52, n.3, p.105-111, 1978.

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

MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **J. Zhejiang Univ. Sci. B** 8:815–821, 2007.

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, p.501-507, 2010.

NUTRIENT requirements of poultry. Washington: National Academy of Sciences, 1994. p.44-45.

SAATCI, M.; OMED, H.; AP DEWI, I. Genetic Parameters from Univariate and Bivariate Analyses of Egg and Weight Traits in Japanese Quail. **Poultry Science**, v.85, p.185-190, 2006.

SANTOS, G.G. Avaliação da trajetória genética e da sensibilidade dos valores genéticos às mudanças do nível nutricional da dieta em dois grupos de codornas de corte. 2010. 58f. **Tese** (Doutorado) - Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2010.

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, 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. 2007. 101p. **Tese** (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.1 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2004.

SILVA, J.H.V.; **Tabelas para Codornas Japonesas e Européias** – Tópicos Especiais, Composição de Alimentos e Exigências Nutricionais. 2 ed. Jaboticabal: Funep. 107p. 2009.

SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C. et al. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, v.153, p.27-32, 2013.

SOUSA, J.E.R., SILVA, M.A., SARMENTO, J.L.R. et al. 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.

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**, v.4, n.5, p.296-300, 2005.

CAPÍTULO 2

Períodos parciais de ganho de peso e conversão alimentar individual como critério de seleção em duas linhagens de codornas de corte

Resumo: Objetivou-se neste trabalho estimar os parâmetros genéticos para ganho de peso e conversão alimentar individual em períodos parciais e total na fase de recria, por meio de análises multivariadas, a fim de verificar a possibilidade do uso de períodos parciais de ganho de peso, em substituição ao período total e à conversão alimentar como critério de seleção. Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de 188 e 191 animais do grupo genético UFV1 e UFV2, respectivamente, pertencentes à Granja de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Este número de observações é reduzido, pois, foram obtidos de animais criados individualmente. As características analisadas foram conversão alimentar individual de 21 a 28 (CA_{2128}) e de 28 a 35 dias (CA_{2835}); períodos parciais de ganho de peso de 1 a 21 (GP_{121}), de 21 a 28 (GP_{2128}) e de 28 a 35 (GP_{2835}) dias de idade e o período total (GP_{135}) de 1 a 35 dias de idade. Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se modelo animal univariado, e para o ganho de peso parcial e total, e para a conversão alimentar e ganho de peso total, utilizou-se o modelo animal multivariado, através do software Wombat. Para o grupo UFV1, as estimativas de herdabilidade para ganho de peso foram de 0,54 para o período total de ganho de peso e para os períodos de parciais GP_{121} ; GP_{2128} e GP_{2835} foram de 0,12; 0,67 e 0,14, respectivamente. A estimativa de correlação genética mais alta encontrada foi para: $GP_{2128} \times GP_{135}$ (0,90). Já para os outros períodos $GP_{121} \times GP_{135}$ e $GP_{2835} \times GP_{135}$ os valores foram de 0,76 e 0,74. As estimativas de herdabilidade e correlação genética para conversão alimentar individual foram maiores para CA_{2128} (0,51 e 0,92). Para o grupo genético UFV2, as estimativas de herdabilidades para GP_{121} ; GP_{2128} ; GP_{2835} e GP_{135} foram respectivamente, 0,21; 0,47; 0,70 e 0,77. As correlações genéticas variaram de 0,37 a 0,93. Para os dados de conversão alimentar, a UFV2 apresentou maiores valores de herdabilidade (0,34) e correlação genética (0,85) para CA_{2835} . Recomenda-se, para o grupo genético UFV1, a seleção de codornas de corte considerando o ganho de peso de 21 a 28 dias de idade, e a seleção por ganho de peso de 28 a 35 dias de idade para a UFV2, o que permitiria uma redução no custo de produção e um aumento no ganho genético tanto para ganho de peso quanto para melhor conversão alimentar.

Palavras-chave: Coturnix coturnix, correlações genéticas, ganho genético, herdabilidade.

CHAPTER 2

Weight gain and individual feed intake in partial periods as selection criterion in two meat quail lines

Abstract: The objective of this study was to estimate genetic parameters for partial and total weight gain (WG) and individual feed intake (IFI) in the final growth period (28 days old to slaughter) via multi-trait analysis in order to verify the possibility of using partial (PWG) over total weight gain (TWG) periods and IFI as a selection criteria. Data were obtained from the Federal University of Viçosa breeding program including 379 IFI records from two different genetic lines (UFV1; UFV2) being 188 quails from UFV1 and 191 from UFV2, respectively. The traits were: individual feed intake from 21 to 28 days old (IFI_{2128}) and from 28 to 35 days old (IFI_{2835}); PWG from 1 to 21 (PWG_{121}), 21 to 28 (PWG_{2128}) and 28 to 35 (PWG_{2835}) days old; total period (TWG_{135}) from 1 to 35 days old. Covariance components and genetic parameters were estimated via REML by using Wombat software. A univariate animal model was fitted for PWG and TWG, whereas a multi-trait model for IFI. For UFV1, heritability estimates was 0.54 for TWG and 0.12, 0.64 and 0.14 for PWG_{121} , PWG_{2128} and PWG_{2835} , respectively. Genetic correlation was higher between $PWG_{2128} \times TWG_{135}$ (0.90) whereas for other periods $WG_{121} \times TWG_{135}$ and $WG_{2835} \times TWG_{135}$ were 0.76 and 0.74, respectively. Heritability estimates and genetic correlations for IFI were higher for IFI_{2128} (0.51; 0.92). Moreover, heritability estimates for PWG_{121} , PWG_{2128} , PWG_{2835} and TWG_{135} were, 0.21; 0.47; 0.70 and 0.77 for UFV2, respectively. In addition, genetic correlations ranged from 0.37 to 0.93. Regarding IFI, UFV2 presented higher heritability and genetic correlation estimates for IFI_{2835} in comparison with IFI_{2128} . Therefore, the selection of breedstock quails must be done considering PWG_{2128} and PWG_{2835} UFV1 and UFV2, respectively, to reduce production costs and also enhance genetic gains for WG and IFI.

Keywords: Coturnix coturnix, genetic correlations, genetic gain, heritability.

1. INTRODUÇÃO

A grande evolução da coturnicultura de corte e postura é decorrente, principalmente, da utilização dos recursos do melhoramento genético, que é uma das principais ferramentas utilizadas para incrementar avanços dentro da cadeia produtiva, e está interligada com outras áreas como: manejo, ambiência, nutrição e biossegurança. As inovações tecnológicas destas áreas correlatas são orientadoras do programa de seleção que visa maximizar a expressão genética dos animais no ambiente real de produção. Nas linhagens de codornas de corte mantidas sob avaliação genética, o conhecimento de parâmetros genéticos das características de importância econômica torna a seleção mais eficiente e seu constante estudo no decorrer das gerações possibilita saber como as características estão se alterando geneticamente (SATO et al., 2012).

A herdabilidade é um parâmetro genético da população e expressa o quanto da variação fenotípica é atribuída aos efeitos genéticos aditivos dos genes. A associação genética entre duas características é indicada pelo coeficiente de correlação genética e expressa a magnitude e a direção desta associação. Este parâmetro é utilizado para obter melhorias indiretas nas características que não são submetidas diretamente ao processo de seleção. Assim, deve-se conhecer e estudar as características que serão definidas como critérios de seleção, seus parâmetros genéticos e fenotípicos e como estas se associam linearmente com outras características de importância econômica.

Pesquisas relacionadas à estimação de parâmetros genéticos para características relacionadas à eficiência alimentar em períodos parciais de produção são recentes, ou mesmo inexistentes, na literatura. As pesquisas desenvolvidas até o momento, em sua maioria, são tomadas com codornas de postura e em experimentos com dados de grupo de animais e não individuais (TEIXEIRA et al. 2012; TEIXEIRA et al. 2013; VARKOOHI et al., 2010; VARKOOHI et al. 2011) e avaliando apenas características de peso corporal (FELIPE et al., 2007; ALCÂNTARA et al. 2013; FRIDRICH et al. 2005; MIRANDA et al, 2013). Dessa forma, evidencia-se a necessidade de novos de estudos neste segmento.

Nota-se, que a seleção baseada no ganho de peso no período total aumenta o intervalo de geração. Assim como, a seleção baseada em conversão alimentar em muitos casos torna-se inviável, por ser uma característica de difícil mensuração. Sendo assim, a determinação de ganho de peso e conversão alimentar em períodos parciais e suas

correlações, permite que diminua os custos, por dar oportunidade de selecionar os animais superiores no período menor de avaliação.

Com este trabalho objetivou-se estimar os parâmetros genéticos para ganho de peso e de conversão alimentar individual em períodos parciais e para o período total na fase de recria, por meio de análises multicaracterísticas, a fim de verificar a possibilidade do uso de períodos parciais para ganho de peso, em substituição ao período total, e a possibilidade de utilizar essas características como critério de seleção, em substituição ao uso de características de difícil mensuração.

2. MATERIAL E MÉTODOS

As informações utilizadas nestas análises foram provenientes de um experimento com codornas de corte pertencentes à Granja de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Foram utilizadas observações individuais de 188 e 191 animais do grupo genético UFV1 e UFV2, respectivamente. Número semelhante (210 observações) foi usado por VARKOOHI et al. (2010) e VARKOOHI et al. (2011). Já FELIPE et al. (2007) utilizaram 144 observações. Outros trabalhos com maior número de observações (ALCÂNTARA et al., 2013) têm sido feitos, porém os animais são alojados em grupo, diferente do proposto neste estudo, onde foram coletadas informações de animais criados individualmente, justificando o número reduzido de observações.

Os animais usados nesse experimento foram provenientes de duas linhagens de codornas de corte (UFV1 e UFV2), onde foram usados 102 reprodutores de 204 matrizes, com uma proporção sexual de um macho para duas fêmeas. Em cada fase, os ovos foram coletados durante 10 dias e enviados para uma incubadora por 14 dias e posteriormente em uma nascedoura durante três dias, totalizando 17 dias até o nascimento dos animais. No dia da eclosão as progênes receberam identificação para anotação do pedigree, além da medida do peso corporal no primeiro dia de vida. Os animais foram distribuídos em boxes de alvenaria e tela, para avaliação do desempenho, com dimensão de 1,00m x 0,80m, totalizando 24 boxes utilizados em cada linhagem, com seis boxes para cada nível de ração. Cada boxe foi coberto com cama de maravalha, aquecimento através de campânulas, comedouro tipo prato e bebedouro tipo copo de pressão, sendo que ração e água foram fornecidos à vontade. A partir do 14º dia de vida, tanto bebedouros quanto comedouros foram substituídos por bebedouros

automáticos tipo chupeta (nipple) e comedouros tubulares. Foram utilizados rações com oito diferentes níveis de proteína bruta (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 e 29%) e 2900 Kcal de energia metabolizável, formuladas com base nas Tabelas para Codornas Japonesas e Europeias (SILVA, 2009), mantendo a relação constante entre aminoácidos com a lisina.

O experimento foi realizado em duas eclosões (duas fases) utilizando quatro níveis de proteína bruta cada. Essas fases foram necessárias devido à limitação do número de aves nascidas por eclosão e ao número de boxes disponíveis, sendo proposto utilizar seis boxes para cada nível de proteína bruta por linhagem. Foram dispostos os níveis 22, 24, 26 e 28 % de proteína bruta na ração, na primeira fase e os níveis 23, 25, 27 e 29% na segunda fase.

Cada boxe recebeu aproximadamente 20 animais provenientes da linhagem UFV1 e 10 animais da UFV2. Essa diferença no número de animais é devido ao menor número de matrizes da linhagem UFV2. A distribuição dos animais e o nível de ração empregado em cada boxe foram realizados ao acaso em um experimento que seguiu um delineamento inteiramente casualizado (DIC).

Além do peso inicial (dia do nascimento), os animais foram pesados individualmente com 7, 14, 21, 28 e 35 dias de vida, sendo o último considerado como peso ao abate. Essas medidas de peso foram utilizadas para o cálculo de ganho de peso nas diferentes fases avaliadas. Aos 21 dias de idade foi realizada a pesagem e sexagem dos animais e foram coletadas 12 aves de cada sexo, das duas linhagens, por nível de proteína bruta, com um total de 96 animais avaliados em cada linhagem por fase. As aves foram transferidas para gaiolas galvanizadas individuais para controle do consumo individual na segunda fase de crescimento, buscando obter resultados mais precisos. As gaiolas galvanizadas possuem dimensões de 0,90m de comprimento x 0,44m de largura x 0,23m de altura sendo na largura, 0,15m de aparador de ovos, totalizando seis repartições em cada gaiola. As gaiolas são equipadas com comedouros lineares de chapa galvanizada na parte frontal, e bebedouro linear entre as gaiolas, com fornecimento de água corrente.

As aves receberam alimentação compatível com a ração fornecida na primeira fase de crescimento (nascimento aos 21 dias de vida), ou seja, com o mesmo nível de proteína bruta, sendo que, tanto ração quanto água foram fornecidas à vontade. Para coletar os dados de consumo individual, cada animal, tinha um recipiente com sua ração sendo anotado o peso inicial da ração (aos 21 dias de vida do animal) e a sobra aos 28 e 35 dias de vida.

O consumo de ração foi obtido pesando-se semanalmente as sobras de ração de cada boxe na fase inicial e de cada recipiente pertencente a cada animal na fase de terminação. Após obter o consumo semanal, foram calculadas as conversões alimentares de cada animal, via relação entre consumo de ração e ganho de peso. Entretanto, não foram utilizados os dados de conversão alimentar da primeira fase (do nascimento até 21 dias), visto que, seria uma medida de grupo e não individual, podendo levar a estimativas viesadas dos parâmetros genéticos. Sendo assim, foram utilizados apenas os dados individuais de conversão alimentar, coletados a partir de 21 dias de idade.

O conjunto de dados, após realizar os cálculos de ganho de peso e conversão alimentar, foi composto pela identificação do animal; pai; mãe; eclosão; sexo; nível de proteína bruta na dieta; ganho de peso do período parcial de 1 a 21 dias (GP₁₂₁), do período parcial de 21 a 28 dias (GP₂₁₂₈), do período parcial de 28 a 35 dias de idade (GP₂₈₃₅), do período total de 1 a 35 dias de idade (GP₁₃₅) e as conversões alimentares individuais nos períodos parciais de 21 a 28 (CA₂₁₂₈) e de 28 a 35 dias de idade (CA₂₈₃₅). Ainda na organização do banco de dados, foram feitos descartes de observações de codornas cujo sexo não foi identificado ou que apresentaram valores, para as características avaliadas, maior ou menor que três desvios-padrão em relação aos valores médios de cada característica, totalizando 188 e 191 animais para os grupos genéticos UFV1 e UFV2, respectivamente.

Foram feitas análises estatísticas pelo método dos quadrados mínimos por meio do procedimento GLM do SAS (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA) com a finalidade de detectar significância de efeitos fixos de nível de proteína bruta na dieta (oito níveis). O efeito estudado influenciou significativamente ($P < 0,05$) todas características estudadas e, portanto, decidiu-se tomar como efeito fixo nas análises multicaracterísticas. Sendo assim, o modelo utilizado nas análises levou em consideração os efeitos fixos de sexo, eclosão e nível de proteína bruta na dieta.

Os componentes de (co) variância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) sob modelo animal multicaracterística, utilizando o programa computacional WOMBAT, desenvolvido por MEYER (2007). O modelo geral é representado pela equação $y = Xb + Za + e$, em que: y é o vetor da variável dependente; X é a matriz de incidência para os efeitos fixos associando os elementos de β e y ; β é o vetor de efeito fixo de grupo sexo-eclosão-proteína bruta; Z é a matriz incidência dos efeitos genéticos aditivos aleatórios, associando os elementos de a e y ; a é o vetor de efeitos aleatórios para efeito genético aditivo, $a \sim N(0, A \otimes \Sigma_g)$ e e é o vetor de efeitos residuais, $e \sim N(0, I \otimes \Sigma_e)$.

3. RESULTADOS

3.1. Ganho de peso

As estatísticas descritivas para ganho de peso em períodos parciais e total para os grupos genéticos UFV1 e UFV2, podem ser observadas na Tabela 1. O período parcial de 28 a 35 dias de idade foi o que apresentou maior variação no ganho de peso para ambos grupos genéticos, apresentando coeficiente de variação de 27,09% e 26,29% para a UFV1 e UFV2 respectivamente, seguido do período de 21 a 28 dias, apresentando um coeficiente de variação de 19,21% e 20,30%, respectivamente.

Podemos verificar que a linhagem UFV1 obteve maior ganho de peso do que a UFV2, para todos períodos avaliados neste estudo.

Tabela 1 – Número de animais (N), média, desvio-padrão (DP), valores mínimo (Min.) e máximo (Máx.), coeficiente de variação (CV) e erro-padrão das médias (EP), de ganho de peso para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

Característica	N	Média	DP	Min.	Máx.	CV	EP
UFV1							
GP ₁₂₁	192	189,44	15,99	102,22	239,06	8,44	1,15
GP ₂₁₂₈	190	67,00	12,87	29,21	102,19	19,21	0,93
GP ₂₈₃₅	188	57,52	15,58	19,49	108,70	27,09	1,14
GP ₁₃₅	188	314,63	26,49	245,55	400,01	8,42	1,93
UFV2							
GP ₁₂₁	192	143,72	33,79	87,36	207,14	23,51	2,44
GP ₂₁₂₈	191	64,67	13,13	21,79	99,85	20,30	0,95
GP ₂₈₃₅	191	50,80	13,36	19,04	93,66	26,29	0,97
GP ₁₃₅	191	302,86	25,65	210,55	368,27	8,47	1,86

GP₁₂₁ – ganho de peso parcial até 21 dias de idade; GP₂₁₂₈ – ganho de peso de 21 a 28 dias de idade; GP₂₈₃₅ – ganho de peso de 28 a 35 dias de idade e GP₁₃₅ – ganho de peso no período total, de um a 35 dias de idade.

As estimativas de herdabilidade, variância genética aditiva, ambiental e fenotípica podem ser observadas na Tabela 2. As estimativas para ganho de peso do grupo UFV1 foram de 0,54 para o período total e 0,12; 0,67 e 0,14 para os períodos de produção parcial GP₁₂₁; GP₂₁₂₈ e GP₂₈₃₅, respectivamente. Já o grupo UFV2 apresentou maiores valores, exceto para o período parcial GP₂₁₂₈ (0,47), como 0,77 para o período total e 0,21 e 0,70 para os períodos de produção parcial GP₁₂₁ e GP₂₈₃₅, respectivamente.

Tabela 2 - Estimativas de herdabilidades (h^2), variâncias genéticas aditivas (σ_a), ambiental (σ_e) e fenotípica (σ_p) de ganho de peso para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

Característica	h^2	σ_a	σ_e	σ_p
	UFV1			
GP ₁₂₁	0,12	13,66	96,79	110,45
GP ₂₁₂₈	0,67	92,01	45,22	137,23
GP ₂₈₃₅	0,14	29,71	188,23	217,94
GP ₁₃₅	0,54	252,52	212,98	465,49
UFV2				
GP ₁₂₁	0,21	17,43	67,32	84,75
GP ₂₁₂₈	0,47	73,51	82,25	155,76
GP ₂₈₃₅	0,70	131,71	56,18	187,89
GP ₁₃₅	0,77	455,90	133,57	589,47

GP₁₂₁ – ganho de peso parcial até 21 dias de idade; GP₂₁₂₈ – ganho de peso de 21 a 28 dias de idade; GP₂₈₃₅ – ganho de peso de 28 a 35 dias de idade e GP₁₃₅ – ganho de peso no período total, de um a 35 dias de idade.

As correlações genéticas, ambientais e fenotípicas, estimadas para ganho de peso total e para os períodos parciais podem ser observadas na Tabela 3. Para o grupo genético UFV1, a estimativa de correlação genética mais alta encontrada foi para GP₂₁₂₈ x GP₁₃₅ (0,90). Já para o grupo UFV2, o GP₂₈₃₅ foi que apresentou maior correlação genética com o GP₁₃₅ (0,93). Enquanto isso, para os outros períodos parciais GP₁₂₁ x GP₁₃₅ e GP₂₈₃₅ x GP₁₃₅ os valores de correlação genética foram de 0,76 e 0,74 para a UFV1, e para a UFV2 os valores encontrados para os períodos parciais GP₁₂₁ x GP₁₃₅ e GP₂₁₂₈ x GP₁₃₅ foram de 0,37 e 0,83, respectivamente.

Tabela 3 – Estimativas de correlações genéticas (r_g), ambiental (r_e), fenotípica (r_p) de cada ganho de peso nos períodos parciais com o período total, estimativas entre cada período parcial e eficiência relativa, para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

Características	r_g	r_e	r_p
	UFV1		
GP ₁₂₁ x GP ₁₃₅	0,76	0,45	0,48
GP ₂₁₂₈ x GP ₁₃₅	0,90	0,06	0,56
GP ₂₈₃₅ x GP ₁₃₅	0,74	0,78	0,69
GP ₁₂₁ x GP ₂₁₂₈	0,70	-0,13	0,13
GP ₁₂₁ x GP ₂₈₃₅	0,30	0,19	0,20
GP ₂₁₂₈ x GP ₂₈₃₅	0,41	-0,39	-0,08
UFV2			
GP ₁₂₁ x GP ₁₃₅	0,37	0,65	0,42
GP ₂₁₂₈ x GP ₁₃₅	0,83	0,29	0,60
GP ₂₈₃₅ x GP ₁₃₅	0,93	-0,13	0,66
GP ₁₂₁ x GP ₂₁₂₈	-0,21	0,11	0,01
GP ₁₂₁ x GP ₂₈₃₅	0,25	-0,08	0,05
GP ₂₁₂₈ x GP ₂₈₃₅	0,79	-0,75	0,16

GP₁₂₁ x GP₁₃₅ – ganho de peso no período até 21 dias em relação ao período total; GP₂₁₂₈ x GP₁₃₅ – ganho de peso no período até 21 a 28 dias em relação ao período total; GP₂₈₃₅ x GP₁₃₅ – ganho de peso no período até 28 a 35 dias em relação ao período total; GP₁₂₁ x GP₂₁₂₈ – ganho de peso no período até 21 dias em relação ao período de 21 a 28 dias; GP₁₂₁ x GP₂₈₃₅ – ganho de peso no período até 21 dias em

relação ao período de 28 a 35 dias; $GP_{2128} \times GP_{2835}$ – ganho de peso no período até 21 a 28 dias em relação ao período de 28 a 35 dias.

3.2. Conversão Alimentar

Na Tabela 4 estão apresentadas as estatísticas descritivas para ganho de peso total e conversão alimentar individual em períodos parciais na fase final de desenvolvimento para os grupos genéticos UFV1 e UFV2. A conversão alimentar no período parcial de 28 a 35 dias de idade foi a que apresentou maior coeficiente de variação, seguido do período de 21 a 28 dias, apresentando valores de 31,31% e 19,83%, respectivamente, para o grupo UFV1 e de 27,38% e 22,60%, respectivamente, para o grupo UFV2.

Tabela 4 – Número de animais (N), média, desvio-padrão (DP), valores mínimo (Min.) e máximo (Máx.), coeficiente de variação (CV) e erro-padrão das médias (EP), de ganho de peso e conversão alimentar individual para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

Característica	N	Média	DP	Min.	Máx.	CV	EP
UFV1							
CA ₂₁₂₈	189	3,33	0,66	1,12	6,57	19,83	0,05
CA ₂₈₃₅	188	5,02	1,57	1,05	12,83	31,31	0,11
GP ₁₃₅	188	314,63	26,49	245,55	400,01	8,42	1,93
UFV2							
CA ₂₁₂₈	191	3,47	0,78	1,56	7,92	22,60	0,06
CA ₂₈₃₅	191	5,36	1,47	1,52	13,59	27,38	0,11
GP ₁₃₅	191	302,86	25,65	210,55	368,27	8,47	1,86

CA₂₁₂₈ – conversão alimentar parcial de 21 a 28 dias de idade; CA₂₈₃₅ – conversão alimentar parcial de 28 a 35 dias de idade e GP₁₃₅ – ganho de peso no período total, de um a 35 dias de idade.

As estimativas de herdabilidade, variância genética aditiva, ambiental e fenotípica podem ser observadas na Tabela 5. Para o grupo genético UFV1, as estimativas de herdabilidades para conversão alimentar foram de 0,51 e 0,12 para os períodos CA₂₁₂₈ e CA₂₈₃₅, respectivamente. Já o grupo UFV2 apresentou estimativas de herdabilidades de 0,26 e 0,34 para os períodos CA₂₁₂₈ e CA₂₈₃₅, respectivamente.

Tabela 5 - Estimativas de herdabilidades (h^2), variâncias genéticas aditivas (σ_a), ambiental (σ_e) e fenotípica (σ_p) de ganho de peso e conversão alimentar individual para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

Característica	h^2	σ_a	σ_e	σ_p
UFV1				
CA ₂₁₂₈	0,51	0,17	0,17	0,34
CA ₂₈₃₅	0,12	0,28	2,02	2,30
GP ₁₃₅	0,55	259,09	208,10	467,19
UFV2				
CA ₂₁₂₈	0,26	0,15	0,43	0,58
CA ₂₈₃₅	0,34	0,73	1,41	2,14
GP ₁₃₅	0,75	431,57	147,38	578,95

CA₂₁₂₈ – conversão alimentar parcial de 21 a 28 dias de idade; CA₂₈₃₅ – conversão alimentar parcial de 28 a 35 dias de idade e GP₁₃₅ – ganho de peso no período total, de um a 35 dias de idade.

As estimativas de correlação genética com o ganho de peso total foram de alta (-0,92) e moderada (-0,60) magnitude para a característica CA₂₁₂₈, para os grupos UFV1 e UFV2, respectivamente, com o ganho de peso total. Entretanto, para CA₂₈₃₅ foram encontradas estimativas de -0,57 e -0,85, respectivamente para a UFV1 e UFV2 (Tabela 6). Também foram encontradas correlações de baixa (0,19) e moderada (0,45) magnitude entre CA₂₁₂₈ e CA₂₈₃₅, para a UFV1 e UFV2, respectivamente.

Tabela 6 – Estimativas de correlações genéticas (r_g), ambiental (r_e), fenotípica (r_p) de cada conversão alimentar individual nos períodos parciais com ganho de peso total e eficiência relativa, para os grupos genéticos UFV1 e UFV2.

Características	r_g	r_e		r_p
		UFV1		
CA ₂₁₂₈ x GP ₁₃₅	-0,92	1,58		-0,36
CA ₂₈₃₅ x GP ₁₃₅	-0,57	-10,80		-0,48
CA ₂₁₂₈ x CA ₂₈₃₅	0,19	-0,19		-0,17
		UFV2		
CA ₂₁₂₈ x GP ₁₃₅	-0,60	-0,14		-0,32
CA ₂₈₃₅ x GP ₁₃₅	-0,85	0,13		-0,38
CA ₂₁₂₈ x CA ₂₈₃₅	0,45	-0,40		-0,15

CA₂₁₂₈ x GP₁₃₅ – conversão alimentar no período de 21 a 28 dias em relação ao ganho de peso do período total; CA₂₈₃₅ x GP₁₃₅ – conversão alimentar no período de 28 a 35 dias em relação ao ganho de peso do período total; CA₂₁₂₈ x CA₂₈₃₅ – conversão alimentar no período de 21 a 28 dias em relação ao período de 28 a 35 dias.

5. DISCUSSÃO

5.1. Ganho de peso

Os valores de coeficiente de variação encontrados para ganho de peso nos períodos de 21 a 28 e de 28 a 35 dias de idade (Tabela 1), para os dois grupo genéticos são superiores ao de 10,43% encontrado por CORREA et al. (2007a), provavelmente devido a maior número de níveis de proteínas utilizado neste trabalho.

Essa variação encontrada pode ser explicada devida aos animais estarem em uma fase de desenvolvimento do aparelho reprodutivo que influencia o peso corporal do animal, principalmente nas fêmeas, o que leva a uma maior variação no ganho de peso nesta fase. Além disso, estes animais passaram por uma modificação de ambiente, uma vez que, neste trabalho, os animais foram transferidos do piso para gaiolas individuais a partir de 21 dias de idade, podendo alguns animais terem se adaptado mais facilmente que outros, afetando indiretamente o ganho de peso.

Foram encontrados maiores valores de ganho de peso para a linhagem UFV1 em todos os períodos avaliados (Tabela 1). Essa diferença pode ser explicada pelo fato das duas linhagens se encontrarem em estágios de seleção diferentes em função da diferença de variabilidade genética para a característica de ganho de peso.

FELIPE et al. (2007) trabalhando com dois grupos genéticos, encontraram ganhos de peso abaixo dos encontrados para as duas linhagens neste estudo, assim como ALCÂNTARA et al. (2013), avaliando oito grupos genéticos diferentes, demonstrando também que a UFV1 e UFV2 se encontram em estágios de seleção diferentes de outras linhagens que estão sendo trabalhadas em outras instituições brasileiras.

As estimativas de herdabilidade de baixa magnitude para os períodos até 28 dias de idade encontradas por VARKOOHI (2011) trabalhando com codornas de postura, são semelhantes ao valor encontrado para o período parcial até 21 dias encontrado para UFV1 e divergentes dos valores de moderada magnitude encontrados no presente estudo, para o grupo genético UFV2 (Tabela 2). AGGREY e CHENG (1994) avaliando ganho de peso durante quatro semanas de idade em codornas Japonesas obtiveram herdabilidades que variaram de 0,17 a 0,45, sendo uma das mais altas, encontrada na quarta semana de idade, o que corrobora com os resultados encontrados neste trabalho, onde foram encontradas, para o grupo UFV1, maior herdabilidade para o período parcial de 21 a 28 dias de idade, e para o grupo UFV2, valor similar ao encontrado pelos autores para este mesmo período (Tabela 2).

Tais resultados indicam que o ganho de peso em períodos parciais para a linhagem UFV2, possuem valores de herdabilidade de moderada a alta magnitude. Resultados divergentes aos apresentados pela linhagem UFV1, em que variaram de baixa a alta magnitude. Estes resultados apontam que boa parte da variação do ganho de peso no período inicial de desenvolvimento é devido às diferenças ambientais entre os indivíduos.

Os valores de correlação genética estimados para $GP_{2128} \times GP_{135}$ (0,90) e para $GP_{2835} \times GP_{135}$ (0,93), para os grupos UFV1 e UFV2, respectivamente, corroboram com o de ALCÂNTARA et al. (2013), que observaram correlação próxima de 100% entre o período parcial da quarta semana de idade e o período total. Entretanto, os valores encontrados para os demais períodos parciais (Tabela 3), estão abaixo dos encontrados por ALCÂNTARA et al. (2013), avaliando períodos similares aos propostos neste trabalho, possivelmente pelo fato dos autores terem avaliado oito grupos genéticos diferentes neste trabalho.

Os resultados indicam que os períodos parciais GP_{2128} e GP_{2835} , para a UFV1 e

UFV2 respectivamente, apresentam alta correlação com o ganho de peso total, podendo ser utilizados como critério de seleção na escolha de codornas de corte para maior ganho de peso.

No entanto, ao analisarmos as correlações entre os períodos parciais, notamos que para o grupo genético UFV1, o GP₁₂₁ apresentou correlações genéticas de 0,70 e 0,76 com relação ao GP₂₁₂₈ e ao GP₁₃₅, respectivamente. Esses resultados indicam que poderíamos obter ganho genético fazendo a seleção sobre o período parcial de 1 a 21 dias, assim como, pelo período parcial de 21 a 28 dias de idade. Enquanto para a UFV2, verificamos que o GP₂₁₂₈ apresentou correlações genéticas de 0,79 com relação ao GP₂₈₃₅. Esse resultado indica que poderíamos obter ganho genético fazendo a seleção sobre o período parcial de 21 a 28 dias para este grupo genético.

Dessa forma, os grupos genéticos UFV1 e UFV2 se beneficiariam na redução do intervalo de geração, o que possibilitaria um maior ganho genético por unidade de tempo.

5.2. Conversão Alimentar

Segundo OLIVEIRA (2001), a conversão alimentar tende a piorar com a idade dos animais e, considerando-se as semanas dos 21 aos 35 dias, separadamente, é possível a obtenção de valores de conversão alimentar elevados, considerados desfavoráveis para produção em nível comercial. Essa grande diferença entre os valores de máximo e mínimo, tiveram grande influência sobre a média e o coeficiente de variação (Tabela 4).

Os valores de coeficiente de variação encontrados para conversão alimentar para os dois grupos genéticos (Tabela 4) são superiores ao de 16,25% encontrado por BARRETO et al. (2006), trabalhando com diferentes níveis de lisina, no período de 21 a 49 dias, e de 15,99% encontrado por CORREA et al. (2007a) trabalhando com diferentes níveis de energia e proteína bruta na ração. No entanto, os valores de média apresentados para conversão alimentar, tanto para a linhagem UFV1 quanto para UFV2, são similares aos encontrados por CORREA et al. (2007a), para o período de 21 a 28 dias e melhores (menores valores) para o período de 28 a 35 dias, demonstrando a melhor eficiência destas linhagens.

Os valores de herdabilidade, para conversão alimentar individual, estimados para o período parcial de 21 a 28 dias, da UFV1 e UFV2 (Tabela 5), foram inferiores ao reportado por VARKOOHI et al. (2010) e VARKOOHI et al. (2011), de 0,67. No entanto, o valor apresentado pela UFV1 foi similar a estimativa publicada anteriormente

por AGGREY et al. (2010), em galinhas.

Foram encontrados valores de baixa a moderada magnitude para herdabilidade, para os dois grupos genéticos, possivelmente pelo fato dos animais estarem em pleno desenvolvimento reprodutivo e adaptação pela mudança de ambiente do piso para gaiola.

Tais resultados indicam que a conversão alimentar nos períodos parciais, poderia ser utilizada para seleção e obter progresso genético em gerações futuras, sendo que, as CA_{2128} e CA_{2835} apresentaram maiores valores de herdabilidade para a UFV1 e UFV2, respectivamente.

As estimativas de correlação genética encontradas para os dois grupos genéticos (Tabela 6) foram superiores as apresentadas por VARKOOHI et al. (2011), para conversão alimentar e ganho de peso no período de 21 a 28 dias, em codornas de postura.

A partir destes resultados, podemos indicar que o ganho de peso total apresenta correlações genéticas favoráveis para seu uso como critério de seleção na escolha de codornas para melhor conversão alimentar na fase de recria.

Podemos ainda observar na Tabela 6 que o grupo UFV2 apresentou correlação entre CA_{2128} e CA_{2835} superior a encontrada para a linhagem UFV1, apresentando valor mediano e positivo, indicando a possibilidade de se obter ganho genético a partir de seleção indireta por período parcial de conversão alimentar.

Dessa forma, para os grupos genéticos UFV1 e UFV2, o ganho de peso pode ser tomado como critério de seleção para ganho de peso e melhores conversões, visto que, é uma característica de fácil mensuração, tem menor possibilidade de erros e possui uma maior herdabilidade, quando comparamos aos períodos parciais de conversão alimentar, podendo obter progresso genético em ambas as características.

5. CONCLUSÕES

Com base nos resultados encontrados, pode-se recomendar a seleção de codornas de corte considerando o ganho de peso de 21 a 28 dias de idade para o grupo genético UFV1. Já para o grupo genético UFV2, recomenda-se a seleção baseada no período de 28 a 35 dias de idade, o que permitiria uma redução de custo de produção e um aumento de ganho genético, tanto para ganho de peso quanto para conversão alimentar. Além de ser uma característica de fácil mensuração.

A partir dos resultados pode-se concluir que, para as características ganho de peso e conversão alimentar na fase de recria, os dois grupos genéticos testados se encontram em estágios de seleção diferentes em função da diferença de variabilidade genética para estas características.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGGREY, S.E.; CHENG, K.M. Animal model analysis of genetic (co)variances for growth traits in Japanese quail. **Poultry-Science**, v.73, n.12, p.1822-1828, 1994.

AGGREY, S.E.; KARNUAH, A.B.; SEBASTIAN, B. and ANTHONY, N.B. Genetic properties of feed efficiency parameters in meat-type chickens. **Genetics Selection Evolution**. 2010, 42:25

ALCÂNTARA, D.C.; MOTA, L.F.M.; ABREU, L.R.A.; et al. Desempenho de diferentes grupos genéticos de codornas e correlações fenotípicas entre peso corporal e ganho em peso. In: X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2013, Uberaba. **Anais...** Uberaba: SBMA, 2013.

BARRETO, S.L.T.; ARAUJO, M.S.; UMIGI, R.T. et al. Exigência nutricional de lisina para codornas europeias machos de 21 a 49 dias de idade. **R. Bras. Zootec.**, v.35, n.3, p.750-753, 2006.

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, p.488-494, 2007a.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte EV1. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.797-804, 2007b.

FELIPE, V.P.S.; CORRÊA, G.S.S.; CORRÊA, A.B. et al. Comparação entre desempenhos de diferentes grupos genéticos de codornas de corte nos períodos de crescimento a acabamento. **Anais...** 3º Simpósio Internacional de Coturnicultura, Lavras, MG. 2007.

FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, D. et al. Interação genótipo × ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.5, p.917-925, 2005.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **J. Zhejiang Uni. Sci.** 2007; v.8, p.815 – 21.

MIRANDA, J.A.; ROCHA, G.M.F.; BALLOTIN, L.M.V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte. **Anais...** V Simpósio internacional de coturnicultura, lavras, 2013.

OLIVEIRA, E.G. **Avaliação do desempenho, rendimento de carcaça e das características químicas e sensoriais de codornas para corte.** Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2001. 96p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual Paulista, 2001.

SILVA, J.H.V. **Tabelas para Codornas Japonesas e Européias** – Tópicos Especiais, Composição de Alimentos e Exigências Nutricionais. 2 ed. Jaboticabal: Funep. 107p. 2009.

TEIXEIRA, B.B.; EUCLYDES, R.F.; TEIXEIRA, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte. **Ciência Rural, Santa Maria**, v.43, n.2, p.361-365, 2013.

TEIXEIRA, B.B.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, L.P. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte. **Ciência Rural, Santa Maria**, v.42, n.4, p.713-717, 2012.

VARKOOHI, S.; PAKDEL, A.; MORADI SHAHR BABAK, M. et al. Genetic parameters for feed utilization traits in Japanese quail. **Poultry Science**, 90 :42–47, 2011.

VARKOOHI, S.; MORADI SHAHR BABAK, M.; PAKDEL, A. et al. Response to selection for feed conversion ratio in Japanese quail. **Poultry Science**, 89:1590–1598, 2010.