

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

ARÍCIA CHAVES ZANETTI REIS

**MODELOS BAYESIANOS PARA PLASTICIDADE GENÉTICA DO
CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE SOB DIFERENTES NÍVEIS DE
PROTEÍNA NA DIETA**

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2020

ARÍCIA CHAVES ZANETTI REIS

**MODELOS BAYESIANOS PARA PLASTICIDADE GENÉTICA DO
CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE SOB DIFERENTES NÍVEIS DE
PROTEÍNA NA DIETA**

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

Orientador: Fabyano Fonseca e Silva

Coorientador: Arele Arlindo Calderano

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2020

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

R375m
2020

Reis, Arícia Chaves Zanetti, 1994-
Modelos Bayesianos para plasticidade genética do
crescimento de codornas de corte sob diferentes níveis de
proteína na dieta / Arícia Chaves Zanetti Reis. – Viçosa, MG,
2020.

29 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.27-29.

1. Codornas - Alimentação e ração. 2. Herdabilidade.
3. Melhoramento genético. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 636.60855

ARÍCIA CHAVES ZANETTI REIS

MODELOS BAYESIANOS PARA PLASTICIDADE GENÉTICA DO
CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE SOB DIFERENTES NÍVEIS DE
PROTEÍNA NA DIETA

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

APROVADA: 24 de julho de 2020.

Assentimento:



Aricia Chaves Zanetti Reis

Autora



Fabyano Fonseca e Silva

Orientador

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à Deus, por ter me dado forças, saúde e fé para que concluísse mais uma etapa e me ensinar que tudo tem seu tempo e um propósito.

Agradeço aos meus pais Alcimênio e Geovana pelo apoio incondicional, por não medirem esforços para me ajudar e sempre acreditarem em mim.

À minha irmã Ariane por ser companheira e estar sempre ao meu lado.

Ao meu namorado Wallace, pela compreensão, companheirismo e me apoiar em todos os momentos.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia, pela oportunidade da realização do curso.

Ao professor Fabyano, pela orientação, pela confiança depositada em mim, pela atenção e apoio, o que tornou possível a realização deste trabalho.

Aos demais professores da UFV, essenciais para a construção do meu conhecimento.

Ao Grupo de Discussão em Genética e Melhoramento Animal (GDMA) por todo aprendizado e acolhimento pelos membros do grupo.

Aos amigos da UFSJ, por se fazerem presentes ainda que trilhando caminhos diferentes.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

RESUMO

REIS, Arícia Chaves Zanetti, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2020. **Modelos Bayesianos para plasticidade genética do crescimento de codornas de corte sob diferentes níveis de proteína na dieta.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva. Coorientador: Arele Arlindo Calderano.

Avaliou-se no presente trabalho a trajetória genética do crescimento de codornas de corte sob diferentes níveis de proteína bruta na dieta, a fim de investigar a presença de interação genótipo x ambiente. Foram avaliados os pesos corporais aos 7, 14 e 21 dias de idade, com níveis de 22 a 33% de proteína bruta (PB) na ração. O conjunto de dados continha 1.380 animais. Foram conduzidas análises de regressão aleatória. Os modelos foram comparados pelo critério de informação da Deviance (DIC). Para peso aos 7 dias, não foi identificada interação do genótipo em relação aos níveis de proteína estudados. Já para peso aos 14 e 21 dias, os melhores modelos (menores valores de DIC) foram, respectivamente, o modelo linear e quadrático. As estimativas de herdabilidade variaram em torno de 0,5 para peso aos 14 dias e em torno de 0,6 para peso aos 21 dias. Concluiu-se que avaliações genéticas realizadas para codornas alimentadas com diferentes níveis de proteína bruta na dieta não permitem a predição de valores genéticos válidos para todos os níveis de proteína bruta. Recomenda-se realizar a avaliação no nível em que a codorna será criada.

Palavras-chave: Codorna de corte. Herdabilidade. Melhoramento animal.

ABSTRACT

REIS, Arícia Chaves Zanetti, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2020. **Bayesian Models for genetic plasticity of growth of meat quail under different levels of protein in the diet.** Advisor: Fabyano Fonseca e Silva. Co-advisor: Arele Arlindo Calderano.

In the present work, the genetic trajectory of the growth of meat quails under different levels of crude protein in the diet was evaluated in order to investigate the presence of genotype x environment interaction. Body weights were evaluated at 7, 14 and 21 days of age, with levels of 22 to 33% crude protein (CP) in the diet. The data set contained 1,380 animals. Random regression analyzes were conducted. The models were compared using the Deviance information criterion (DIC). For weight at 7 days, no genotype interaction was identified in relation to the studied protein levels. As for weight at 14 and 21 days, the best models (lowest DIC values) were, respectively, the linear and quadratic models. Heritability estimates ranged around 0.5 for weight at 14 days and around 0.6 for weight at 21 days. It was concluded that genetic evaluations performed for quails fed different levels of crude protein in the diet do not allow the prediction of valid genetic values for all levels of crude protein. It is recommended to carry out the assessment at the level at which the quail will be created.

Keywords: Meat type quail. Heritability. Animal breeding.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	7
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	8
2.1 Melhoramento genético para crescimento em codornas de corte.....	8
2.2 Plasticidade genética em codornas de corte.....	9
2.3 Modelos de regressão aleatória para plasticidade genética	10
2.4 Inferência Bayesiana	11
3 OBJETIVOS	13
4 MATERIAL E MÉTODOS.....	14
4.1 Descrição dos dados.....	15
4.2 Modelagem Bayesiana da plasticidade genética	15
4.3 Comparação de modelos	18
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	18
5.1 Comparação de modelos	18
5.2 Parâmetros Genéticos.....	19
6 CONCLUSÃO	26
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	27

1 INTRODUÇÃO

O aumento do consumo mundial de carne tem levado 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. A coturnicultura é uma atividade que vem apresentando crescimento significativo nos últimos anos. Segundo Pastore et al. (2012), alguns fatores têm contribuído para o aumento da criação de codornas no país, como: rápido crescimento, precocidade na produção e maturidade sexual, alta produtividade, pequenos espaços para grandes populações, grande longevidade em alta produção, baixo investimento e, conseqüentemente, rápido retorno financeiro.

A carne de codorna não é um produto consumido regularmente, sendo considerado um alimento requintado, e seu preço elevado, ainda é um empecilho para a ampliação desse mercado. Assim, o aumento no consumo de carne de codorna só será alcançado com uma produção mais eficiente e de melhor qualidade. Acredita-se que um limitante para seu crescimento seja a precariedade de estudos mais aprofundados sobre a fisiologia das codornas e seu esquema produtivo, sendo muitos trabalhos científicos na coturnicultura ainda baseados em aspectos fisiológicos de outras aves de produção (Silva et al., 2012). Portanto, isto demanda mudança de paradigmas da coturnicultura, como, a escolha de linhagens e dietas mais eficientes. Em busca de sanar estas limitações, os programas de melhoramento animal tornam-se imprescindíveis para identificar as características de interesse na coturnicultura de corte e estudar o seu comportamento ao longo da vida do animal.

A dieta, em qualquer sistema de criação animal, é responsável por grande parte do custo de produção, e é determinante na eficiência produtiva. As fontes proteicas são os componentes de maior custo nas dietas e, logo, de maior importância nas formulações de rações para suprir as necessidades das codornas sem onerar o custo de produção.

Mesmo com alguns estudos já realizados nessa área (GONÇALVES et al., 2012; SILVA et al., 2014; MOTA et al., 2013; MOTA et al., 2015), há ainda escassez na literatura sobre a sensibilidade heterogênea de valores genéticos aditivos preditos, decorrentes da modificação gradual do ambiente. Isto caracteriza a 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 que os programas de seleção devem ser realizados

para nível específico de proteína da dieta para a maximização do progresso genético. Objetivou-se com este estudo investigar a presença de interação de genótipos x níveis de proteína na ração sobre características de crescimento em codornas de corte.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Melhoramento genético para crescimento em codornas de corte

A coturnicultura, produção de codornas para corte ou postura, é um segmento da produção avícola que vem ganhando seu espaço no mercado mundial. Ainda que a produção de ovos dentro da coturnicultura seja mais representativa que a produção de carne, o curto intervalo de geração e a redução da maturidade sexual tornaram o mercado de carne uma alternativa promissora. Um mercado consumidor exigente também justifica o crescimento expressivo da produção de carne de codorna, uma vez que esta apresenta alto conteúdo proteico e baixa quantidade de gordura (Bonfim e Melo, 2015).

Suas vantagens como rusticidade, maturidade sexual precoce, rápido crescimento, boa conversão alimentar, alta produtividade, baixo investimento e alta produção chamam a atenção de produtores como mais uma atividade para fonte de renda.

Visto seu potencial e sua rentabilidade, os programas de melhoramento animal tornam-se imprescindíveis para identificar as características de interesse na coturnicultura de corte e estudar o seu comportamento ao longo da vida do animal. Adicionalmente, as estratégias de melhoramento animal, quando apropriadamente aplicadas, podem oferecer ao produtor uma alternativa de melhorar sua produção a partir da seleção dos melhores animais (Silva et. al., 2012).

No Brasil, no entanto, ainda há uma escassez de material genético próprio, o que deixa a coturnicultura vulnerável e em déficit de materiais científicos acerca da espécie. Algumas instituições, entretanto, começaram a desenvolver programas de melhoramento genético de codornas de corte, visando o abastecimento de conhecimentos científicos a respeito da coturnicultura. Estes programas necessitam de um acompanhamento constante das características de importância econômica de cada linhagem. A partir destes estudos, os critérios de seleção podem ser estabelecidos para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior.

2.2 Plasticidade genética em codornas de corte

Ao planejar um programa de melhoramento, a fim de obter ganho genético por meio de seleção, geralmente se assume que o genótipo do indivíduo se expressará independentemente do ambiente em que ele e suas progênes serão inseridos. No entanto, características quantitativas apresentam plasticidade genética, de modo que o genótipo se manifestará de uma maneira diferente se houver alterações nas condições ambientais às quais está exposto (Gouveia et al., 2019). Uma interação genótipo \times ambiente ocorre quando um genótipo apresenta respostas diferentes às variações ambientais e pode levar a alterações no fenótipo.

Nas metodologias de avaliação genética tradicionais, os valores genéticos atribuídos a cada animal são considerados únicos, para qualquer que seja o ambiente. Quando existe heterogeneidade de variância genética entre os ambientes, diz-se que ocorreu interação genótipo \times ambiente (GxA), o que pode proporcionar modificações na ordem de classificação dos valores genéticos estimados para os diferentes ambientes. Essa alteração dos valores genéticos pode resultar em desempenhos diferentes para cada ambiente de produção, em relação ao predito com base em avaliação genética realizada em ambiente de seleção (Falconer & Mackay, 1996)

O estudo desse comportamento quando diferentes níveis nutricionais são utilizados é importante, dada a relevância da nutrição para a manifestação de aptidão satisfatória das codornas e considerando que os custos com nutrição representam o custo mais expressivo da produção de codornas (Griep Júnior et al. 2017).

A proteína é o nutriente mais caro da dieta de codornas de corte, sendo responsável por considerável parte do custo de programas de seleção. Diferente das outras classes de nutrientes, as proteínas, quando fornecidas em excesso, não são armazenadas pelos animais. Desse modo, o consumo de proteínas em excesso acarreta em um desperdício que em longo prazo pode ser prejudicial para o sistema de produção (Bonafé, 2011).

Uma estratégia para diminuir esse custo seria utilizar dietas com níveis de proteína bruta abaixo daquele que maximiza a produção. Entretanto, a redução do nível de proteína na ração sem o cuidado de manter a relação necessária dos aminoácidos essenciais, pode diminuir o consumo de ração reduzindo o peso corporal das aves e a produção de ovos. 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 (Caetano, 2018).

2.3 Modelos de regressão aleatória para plasticidade genética

Os modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais, pois suas funções de covariância resultantes são as mais apropriadas para a análise.

Tais modelos também permitem ajustar uma 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. Assim, os MRA descrevem os desvios genéticos a partir da regressão fixa, permitindo que cada animal tenha um formato diferente da curva de crescimento em um nível genético. Os MRA acomodam registros repetidos para caracteres que mudam gradualmente ao longo do tempo, não requerendo pressuposições quanto à constância das variâncias e correlações e tem sido usado no melhoramento animal para modelar registros diários de produção e crescimento corporal (Teixeira, 2008).

Diversos modelos têm sido comparados e parece existir uma preferência para o uso de modelos de regressão aleatória com os polinômios de Legendre, polinômios ortogonais tendem a reduzir as correlações entre os coeficientes de regressão estimados, melhorando a velocidade do processo de convergência.

Polinômios ortogonais de Legendre têm sido largamente aplicados em estudos sobre avaliação genética animal sob Modelo de Regressão Aleatório, independentemente da espécie avaliada, como por exemplo o estudo conduzido por Bonafé et al. (2011) em codornas de corte.

Outra alternativa para descrever a relação entre peso-idade, através de curvas de crescimento, é definir dois ou mais polinômios cada um para um particular intervalo de idade, ou seja, ajustar um modelo local com ajustes locais para cada segmento. Este modelo é chamado função spline ou regressão segmentada.

Mesmo que algumas conclusões divergentes tenham sido feitas sobre as melhores funções a serem usadas no modelo de norma de reação em diferentes estudos e características, alguns resultados indicam que, na prática, os mesmos animais podem ser selecionados pelo modelo usando polinômios de Legendre e funções de spline (Pereira et al., 2013).

No melhoramento genético animal, os modelos de regressão aleatória, têm sido utilizados principalmente na análise de dados longitudinais, tais como no ajuste de curvas de lactação e crescimento, onde tem grande utilidade devido à facilidade nas interpretações dos parâmetros. Além de serem adequados quando se trabalha com

dados biológicos que são de natureza oscilatória. Assim, para definir qual função deve ser utilizada em cada caso, devem ser levadas em consideração as vantagens e desvantagens de cada modelo (Oliveira, 2018).

2.4 Inferência Bayesiana

Um dos principais objetivos da estatística é realizar inferência sobre os parâmetros de um modelo. Na abordagem Frequentista, os parâmetros desconhecidos são considerados fixos e toda a análise é baseada nas informações contidas na amostra dos dados, ou seja, distribuições inferenciais são assumidas para os estimadores dos parâmetros, e não propriamente para os parâmetros, tal como na Inferências Bayesiana (Paulino et al., 2003).

Ao realizar inferência sobre os parâmetros de um modelo, a informação que se tem do parâmetro de interesse θ é de grande importância na estatística, porém o verdadeiro valor do parâmetro θ é desconhecido. Segundo Paulino et al. (2003), o que é desconhecido, neste caso o parâmetro θ , é incerto, e toda a incerteza deve ser quantificada em termos de probabilidade. A inferência Bayesiana consiste de uma informação a *priori* dos dados amostrais e do cálculo da densidade a *posteriori* dos parâmetros. A informação a *priori* é dada pela densidade de probabilidade $P(\theta)$, a qual expressa o conhecimento do pesquisador sobre os parâmetros a serem estimados.

A inferência Bayesiana trata o vetor de parâmetros desconhecidos como quantidades aleatórias e qualquer informação inicial sobre elas pode ser representada por modelos probabilísticos para θ . Assim, tal abordagem permite incorporar algum conhecimento sobre esses parâmetros antes que os dados tenham sido coletados, atribuindo assim distribuições de probabilidade. Essas distribuições podem ser obtidas através de análises anteriores, experiência do pesquisador na área em questão ou em revisões de literatura sobre o assunto que se deseja tratar.

Deste modo, para se realizar uma inferência Bayesiana é necessário assumir uma função densidade de probabilidade a *priori* $P(\theta)$, que combinada com a função de verossimilhança *posteriori* $P(Y_n|\theta)$, por meio do teorema de Bayes, gera a função densidade de probabilidade a *posteriori* $P(\theta|Y_n)$.

$$P(\theta|Y_n) = \frac{L(Y_n|\theta)P(\theta)}{\int L(Y_n|\theta)P(\theta)d\theta}. \quad (4)$$

Em geral, o denominador em (4) é omitido por não depender de θ , sendo possível reescrever o Teorema de Bayes da seguinte maneira:

$$P(\theta | Y) \propto L(Y_n | \theta)P(\theta), \quad (5)$$

ou seja, *Posteriori* \propto Verossimilhança \times *Priori*, onde \propto representa proporcionalidade.

Toda a inferência sobre o parâmetro θ é realizada por meio da distribuição densidade a *posteriori* $P(\theta | Y_n)$. Para se inferir em relação a qualquer elemento de θ , deve-se integrar a distribuição a *posteriori* conjunta dos parâmetros, $P(\theta | Y_n)$, em relação a todos os outros parâmetros. Assim, se o interesse do pesquisador se concentra sobre determinado conjunto de θ , por exemplo, θ_1 , necessita-se a obtenção da distribuição $P(\theta_1 | Y)$, denominada de distribuição marginal a *posteriori*, dada por:

$$P(\theta_1 | Y) = \int_{\theta \neq \theta_1} P(\theta | Y) d\theta_{\theta \neq \theta_1}. \quad (6)$$

A integração da distribuição conjunta a *posteriori* para a obtenção das marginais geralmente não é analítica, sendo necessário o uso de algoritmos iterativos especializados como o GibbsSampler e o Metropolis-Hastings. Estes algoritmos são denominados de algoritmos MCMC (Markov Chain- Monte Carlo). Para a utilização desses algoritmos, é necessário que se obtenha as distribuições condicionais completas para cada parâmetro, que são obtidas a partir das distribuições a *posteriori*.

Os Métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) são de grande importância para a estatística Bayesiana. Por meio dos mesmos é possível obter uma amostra das distribuições marginais a *posteriori* dos parâmetros de interesse por meio de um processo iterativo utilizando as distribuições de cada parâmetro condicionada aos demais parâmetros do modelo, que são denominadas distribuições condicionais completas a *posteriori* $P(\theta_i | \theta_1, \dots, \theta_{i-1}, \dots, \theta_{i+1}, \dots, \theta_p, Y)$. Os valores gerados são considerados amostras aleatórias de uma determinada distribuição de probabilidade, e ao se tratar de um processo iterativo condicionado apenas a última iteração, tem-se o conceito de Cadeia de Markov (Gelfand, 2000). Os principais algoritmos MCMC são o Metropolis-Hastings e o amostrador de Gibbs.

O algoritmo Metropolis-Hastings é utilizado principalmente quando as distribuições condicionais completas a *posteriori* dos parâmetros não possuem forma fechada, ou seja, não é possível amostrar valores diretamente destas distribuições (i.e. não são caracterizadas de seus distribuições de probabilidade conhecidas). Para

a implementação deste algoritmo é necessário considerar uma distribuição conhecida denominada de candidata, de forma que o valor gerado pela mesma é aceito ou não (via critério probabilístico) como sendo um valor da distribuição condicional completa desconhecida. O amostrador de Gibbs é um caso particular do algoritmo Metropolis-Hastings, e gera valores diretamente das distribuições condicionais completas a *posteriori* pois estas devem ser caracterizadas como distribuições de probabilidade conhecidas.

Como os algoritmos MCMC são processos iterativos, a avaliação da convergência se faz necessária. Dentre os métodos mais utilizados para avaliação da convergência das cadeias MCMC destacam-se o de Heidelberger e Welch (1983), Geweke (1992) e Raftery e Lewis (1992).

3 OBJETIVOS

Objetivou-se investigar a presença de interação genótipo x nível de proteína na ração (também denominada plasticidade genética) por meio de regressão aleatória sobre o período de crescimento de codornas de corte. Para tanto, foi utilizada a abordagem Bayesiana enfatizando a comparação de modelos para descrever a plasticidade genética da população em função dos diferentes níveis de proteínas adotados na ração.

Os objetivos específicos foram: modelar, quando presente, a plasticidade genética (interação genótipo x níveis de proteína na ração) do peso corporal de codornas de corte aos 7, 14 e 21 dias de idade; comparar os modelos ajustados em cada uma destas idades; e estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte ao longo dos níveis de proteínas em cada idade considerada.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Descrição dos dados

Todos os procedimentos com os animais, foram previamente aprovados pelo Comitê de Cuidados e Uso de Animais do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Brasil (73/2014 - CEUAP).

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de um experimento realizado em 2014. Foram utilizadas codornas de corte pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte e à Granja de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Reprodutores e matrizes foram utilizados em uma proporção de um macho para duas fêmeas. Os ovos foram coletados durante 10 dias em cada fase, incubados por 14 dias e alocados em uma nascedoura por 3 dias até eclodir. No dia da eclosão, as progênies receberam identificação para obter informações de pedigree, e o peso corporal no nascimento foi mensurado.

Posteriormente, os animais foram distribuídos aleatoriamente em 50 *boxes* de alvenaria e tela, com dimensão de 1,00m x 0,80m. Cada *boxe* foi coberto com cama de maravalha e acesso *ad libitum* a ração e água. Durante os 14 primeiros dias foram utilizados comedouros tipo prato e bebedouros tipo copo de pressão, sendo posteriormente substituídos por comedouros tubulares e bebedouros automáticos tipo *nipple* durante o período restante. A temperatura em cada *box* foi controlada usando campânulas com lâmpadas infravermelhas durante todo experimento. A dieta foi formulada de acordo com recomendações nutricionais da Nutrient Requirements of Poultry -NRC (1994), Tabelas Brasileiras para Codornas Japonesas e Europeias - Silva e Costa (2009) e as Tabelas Brasileiras para Aves e Suínos - Rostagno et al., (2011). Foram formuladas rações com oito diferentes níveis de proteína bruta (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32 e 33%), mantendo constantes o nível de energia metabolizável (2900 Kcal) e a relação entre aminoácidos com a lisina.

Cada *box* recebeu, em média, 20 e 10 animais, a distribuição dos animais e o nível de ração empregado em cada *box* foram realizados ao acaso. Essas fases foram necessárias devido à limitação do número de aves nascidas por eclosão e ao número de *boxes* disponíveis. O intervalo entre as duas fases do experimento foi de 42 dias. Este intervalo representa a soma dos 35 dias necessários para coleta dos dados da primeira fase, com mais 7 dias de vazio sanitário. Logo, as duas fases do experimento ocorreram no mesmo período e estação do ano.

Os animais foram pesados individualmente em 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade. Todavia apenas os pesos aos 7, 14 e 21 dias foram utilizados neste estudo, uma vez que, dentro do Programa de Melhoramento de Codornas de Corte da UFV, são idades de grande importância fisiológica. Foram removidos os registros sem sexo e/ou medidas inferiores ou superiores a três desvios-padrão em relação ao peso médio das codornas em cada idade avaliada. O conjunto de dados final apresentou 1.380 animais.

4.2 Modelagem Bayesiana da plasticidade genética

Os modelos de regressão aleatória são aqueles que incluem um polinômio para representar as trajetórias longitudinais dos efeitos fixos e aleatórios (MEYER; KIRKPATRICK, 2005), e sua grande vantagem é possibilitar a obtenção de estruturas de covariâncias entre os diferentes tempos através de funções de covariância para os efeitos aleatórios de interesse, sendo estas obtidas de matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão dos polinômios em questão.

Foi ajustado um modelo animal unicaracterístico via 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 (PB). 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 (PB) foi descrita por polinômios de Legendre e pode ser assim definido:

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

em que:

y_{hijl} é a observação do animal h aos 7, 14 ou 21 dias de idade, da eclosão i, do sexo j, e 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 do 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, o modelo de regressão linear é especificado como:

$$y = X\beta + Z\alpha + e,$$

em que:

y é o vetor de observações;

β é o vetor de coeficientes de regressão fixos relacionado ao sexo e a eclosão;

α é o vetor de coeficientes de regressão aleatória atribuído ao efeito genético aditivo direto;

X e Z sendo as matrizes de incidência de efeitos em β e α , respectivamente, contendo polinômios de Legendre relativos ao nível da variável controle adotada (Proteína Bruta - PB) utilizado na observação; e é o vetor de resíduos.

Considera-se ainda que:

$$E = \begin{bmatrix} y \\ \alpha \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix};$$

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

$$V\left(\begin{bmatrix} \alpha \\ e \end{bmatrix}\right) = \begin{bmatrix} A \otimes G & \Phi \\ \Phi & I_n \otimes R \end{bmatrix};$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & \sigma_{b_0b_1} \\ \sigma_{b_0b_1} & \sigma_{b_1}^2 \end{bmatrix}, \text{ para efeito linear};$$

em que:

$V(y)$ é a matriz de (co)variância das observações;

$V\left(\begin{bmatrix} \alpha \\ e \end{bmatrix}\right)$ é a variância do vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos e aleatórios residuais;

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 (considerando o modelo de regressão linear) atribuída ao efeito genético aditivo direto, respectivamente,

$\sigma_{b_0b_1}$ é o componente de covariância entre estes coeficientes; e

A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;

I_n é a matriz identidade de ordem igual ao número de observações; e

R é a matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Os modelos quadrático e Reed1 e Reed2 também foram ajustados. Neste caso, o modelo quadrático foi utilizado com a intenção de descrever algum possível

decréscimo do valor genético após um denominado nível ótimo de proteína. Diferentemente, os modelos Reed1 e Reed2 foram ajustados com o intuito de descrever um comportamento assintótico (estabilização) do valor genético em função do aumento do nível de proteína na ração. Embora o termo “regressão linear” tenha sido utilizado para apresentar o modelo geral de regressão aleatória, é relevante comentar que os modelos quadrático e Reed também são lineares nos parâmetros sob o ponto de vista estatístico.

Os modelos de Reed foram considerados neste estudo devido ao fato dos mesmos proporcionarem a modelagem de um comportamento assintótico sem a necessidade de utilizar modelos não-lineares nos parâmetros. Isto permite a utilização de softwares usualmente utilizados na área de Melhoramento Animal, tal como o GIBBS3F90 (Misztal et al., 2002). Em resumo, os modelos de Reed 1 e 2 são dados, respectivamente, por (France e Kebreab, 2008):

$$W = a + bt + \frac{d}{t+1} \text{ e } W = a + bt + \ln(t + 1) + \frac{d}{t+1} + \frac{e}{(t+1)^2}; \text{ em que } W$$

é o valor genético do indivíduo e t o nível de proteína adotado. Tais modelos foram inicialmente propostos para descrever curvas de crescimento animal com a vantagem de serem lineares nos parâmetros. Neste sentido, acreditamos que o presente estudo seja o primeiro a utilizar estes modelos no contexto de interação genótipo x ambiente via regressão aleatória.

Os componentes de (co)variância, herdabilidades e valores genéticos, foram estimados via inferência Bayesiana e algoritmo Gibbs Sampler usando o software GIBBS3F90 (Misztal et al., 2002). 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). Assim, as estimativas de variância e covariância genética aditiva para o peso corporal do animal alimentado com ração contendo o nível de proteína t foram obtidas por:

$$\sigma_{a_i}^2 = Z_{t_i} G Z_{t_i}' \text{ e } \sigma_{a_{ij}}^2 = Z_{t_i} G Z_{t_j}',$$

sendo:

$$Z_{t_i} = [\phi_0(i) \quad \phi_1(i) \quad \phi_2(i)] \text{ e } Z_{t_j} = [\phi_0(j) \quad \phi_1(j) \quad \phi_2(j)],$$

Em que: Z é o vetor contendo os efeitos de média e níveis de proteína na dieta (i e j). Uma vez estimada a estrutura de variância genética para o peso corporal aos 7, 14 e 21 dias de idade, a herdabilidade (h^2) direta da característica foi também estimada para qualquer ponto entre 22 e 33% de proteína bruta da dieta assumindo:

$$h_{t_i}^2 = \frac{\sigma_{a_{t_i}}^2}{\sigma_{a_{t_i}}^2 + \sigma_{e_i}^2},$$

em que t_i representa o nível proteico (i) da dieta.

4.3 Comparação de modelos

O critério de informação Deviance (DIC) foi proposto por Spiegelhalter et al. (2002) como uma generalização do critério de informação de Akaike - AIC (Akaike, 1973) para ser utilizado sob o enfoque Bayesiano. O DIC é dado por:

$$DIC = D(\bar{\theta}) + 2p_D$$

em que: $p_D = D(\bar{\theta}) - \bar{D}(\theta)$, $D(\theta) = -2 \cdot \ln L(\hat{\theta}) + V$,

$L(\hat{\theta})$ corresponde ao máximo da função de verossimilhança ao utilizar as médias a *posteriori*,

$D(\bar{\theta})$ consiste na média dos valores da *deviance* aplicada em cada iteração,

$\bar{D}(\theta)$ consiste no valor da *deviance* aplicada no valor médio de θ (estimador bayesiano usual) considerando as iterações após o *burn-in*, e V é uma constante.

O DIC é utilizado para a comparação de modelos, de forma que quanto menor o valor de DIC melhor o modelo, ou seja, mais indicado é o modelo para descrever o fenômeno estudado.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Comparação de modelos

Para peso aos 7 dias, não foi identificada interação do genótipo em relação aos níveis de proteína estudados. Já para peso aos 14 e 21 dias, os melhores modelos (valores menores de DIC) foram, respectivamente, o modelo linear e quadrático simples (Tabela 1).

Tabela 1. Critério de informação Deviance(DIC) aos 7, 14 e 21 dias de idade em codornas de corte

Característica	Modelo	DIC
P7	Tradicional	-240416,387
	Linear	-234858,225
	Reed1	-230606,524
	Reed2	-232408,415
	Quadrático	-165290,914
P14	Tradicional	-271808,194
	Linear	-272857,052
	Reed1	-265372,118
	Reed2	-266126,882
	Quadrático	-256100,214
P21	Tradicional	-323146,82
	Linear	-324895,72
	Reed1	26647,047
	Reed2	-326789,268
	Quad. Simples	-328845,622

*Tradicional: corresponde ao modelo sem interação genótipo por nível de proteína.

Os resultados obtidos no presente estudo (Tabela 1) indicam a existência de plasticidade genética ao nível proteico da dieta aos 14 e 21 dias e pode ser tratado como o primeiro exemplo de plasticidade genética do crescimento de codornas de corte sob diferentes níveis de proteína bruta na dieta. Indicando que, para a maximização do potencial genético, o programa de seleção adotado para esse grupo e essa idade, deve ser realizado para nível específico de proteína bruta.

A comparação dos modelos apresentou mudanças consideráveis (dados os menores valores DIC). Resultados estes que indicam a eficiência da utilização de modelos com a inclusão do efeito de nível proteico, para estudos de interação genótipos x ambientes em codornas de corte. Possibilitando assim, melhorias na partição da variação total da expressão fenotípica e genotípica, e com isso melhores estimativas dos parâmetros genéticos.

5.2 Parâmetros Genéticos

As herdabilidades estimadas para todas as combinações de idade e níveis de proteína são apresentadas nas Figuras 1 e 2.

As estimativas de herdabilidade encontradas de moderada a alta para pesos corporais, indicam o potencial dessas características para programas de melhoramento.

Aos 21 dias de idade as estimativas de herdabilidades foram mais altas (em torno de 0,6) que aos 14 dias (em torno de 0,5). Portanto, a utilização do valor genético aos 21 dias de idade como critério de seleção seria a mais indicada com base na maior intensidade de resposta à seleção em relação à variância fenotípica.

Em ambas idades (14 e 21 dias), a herdabilidade apresenta uma redução com o aumento dos níveis de proteína bruta na dieta, indicando que a seleção seria mais eficiente em níveis de proteína mais baixos. Sugerindo assim, maior resposta à seleção sobre o peso corporal em níveis menores de proteína bruta na dieta.

Visto que a proteína é o nutriente mais caro da dieta de codornas de corte, selecionar os animais em níveis de proteína mais baixos é uma maneira de otimizar os custos de produção. Tais resultados corroboram com os que foram descritos por Bonafé (2011), também encontrou uma queda das herdabilidades aos 21 dias de idade em níveis mais altos de proteína bruta.

Em contrapartida, estudos realizados por Caetano et al. (2017), Felipe et al. (2012) e Mota et al. (2015) foram encontradas estimativas de herdabilidades maiores para codornas alimentadas com maiores níveis de proteína na dieta. Indicando que, animais expostos à condições ambientais melhoradas, haverá melhor saída para seleção como resultado do aumento da expressão do potencial genético dos animais.

As diferenças entre as estimativas de herdabilidade ao longo dos gradientes ambientais, podem ter ocorrido também devido ao fato de que a contribuição dos efeitos ambientais pode ter sido maior do que os efeitos genéticos. Estas divergências destacam a importância da realização de mais estudos a respeito do comportamento desta característica sob diferentes níveis proteicos, em populações de diferentes composições genéticas.

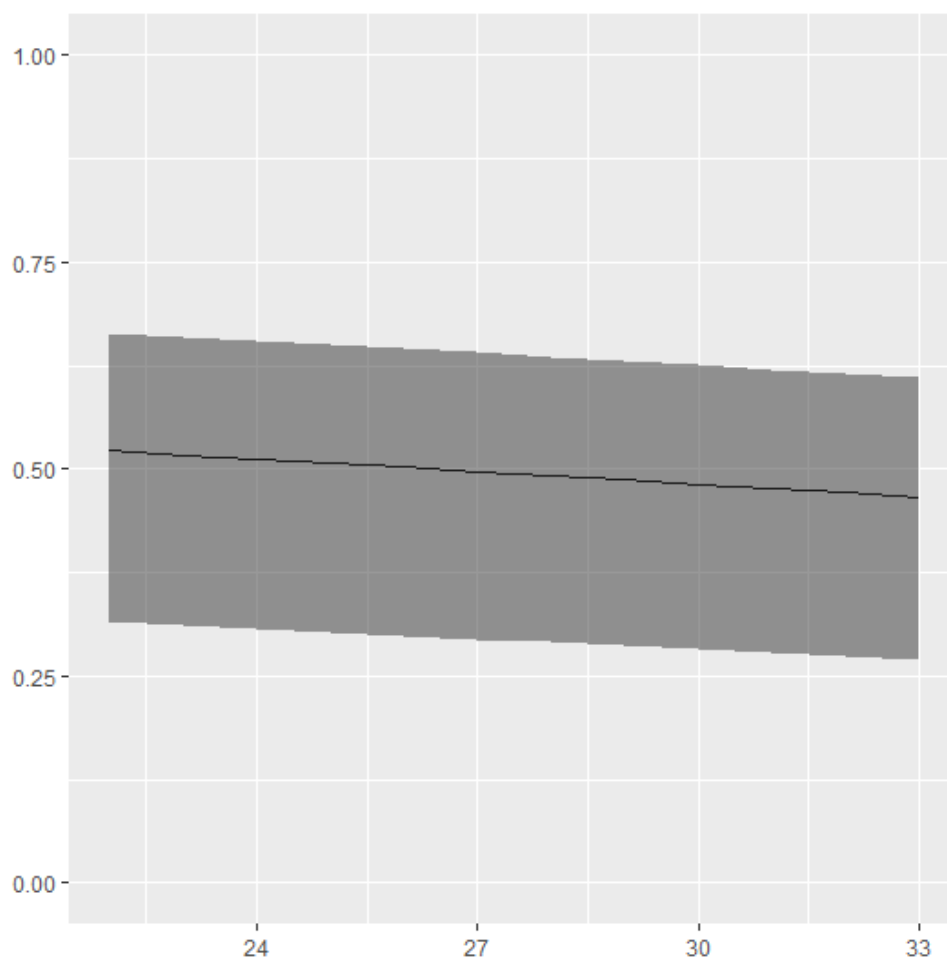


Figura 1. Herdabilidades estimadas para peso aos 14 dias, em função do nível proteico da dieta (22 a 33%)

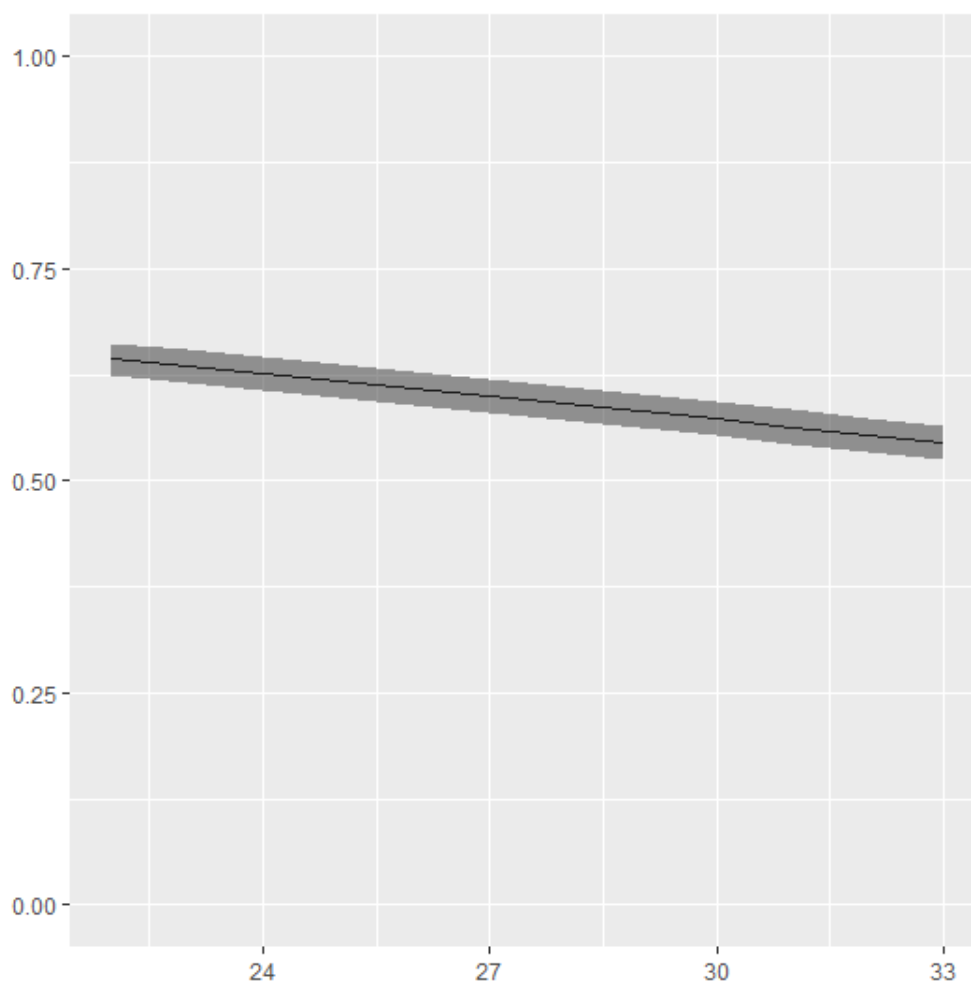


Figura 2. Herdabilidades estimadas para peso aos 21 dias, em função do nível proteico da dieta (22 a 33%)

As estruturas de covariâncias genéticas aditivas diretas em função do nível de proteína bruta da dieta, estimadas aos 14 e 21 dias estão apresentadas nas figuras 3 e 4, respectivamente.

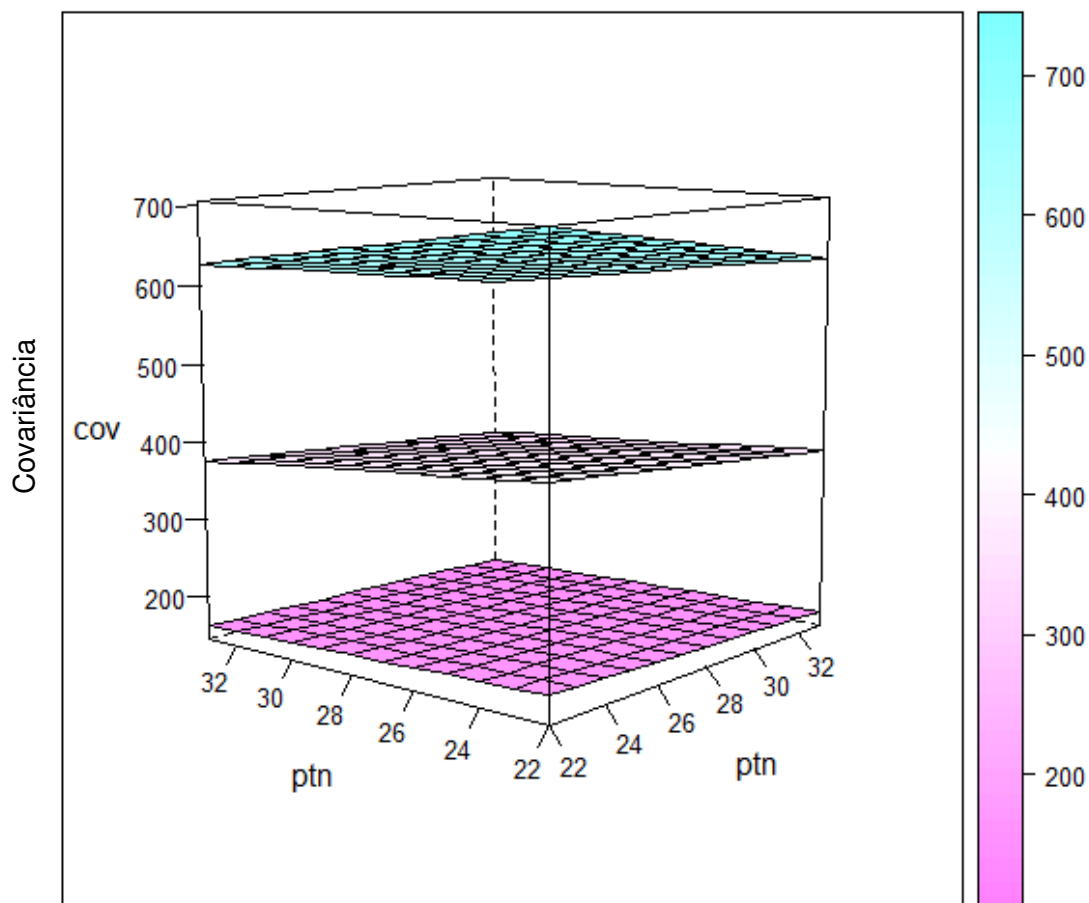


Figura 3. Estruturas de covariância do efeito genético aditivo direto em função do nível proteico da dieta estimadas no 14^o dia

O comportamento das estruturas de covariância genética e, conseqüentemente, das herdabilidades, indicam que valores genéticos aditivos diretos preditos para diferentes indivíduos apresentam diferentes sensibilidades à modificação do nível proteico da dieta.

Por isso, avaliações genéticas realizadas em animais que se alimentam com determinado nível proteico na dieta podem produzir predições que não são válidas para outros níveis de proteína bruta da dieta. Dessa forma, avaliações genéticas com base em informações de indivíduos alimentados com diferentes níveis proteicos seriam necessárias para predição de valores genéticos de qualidade para diferentes ambientes.

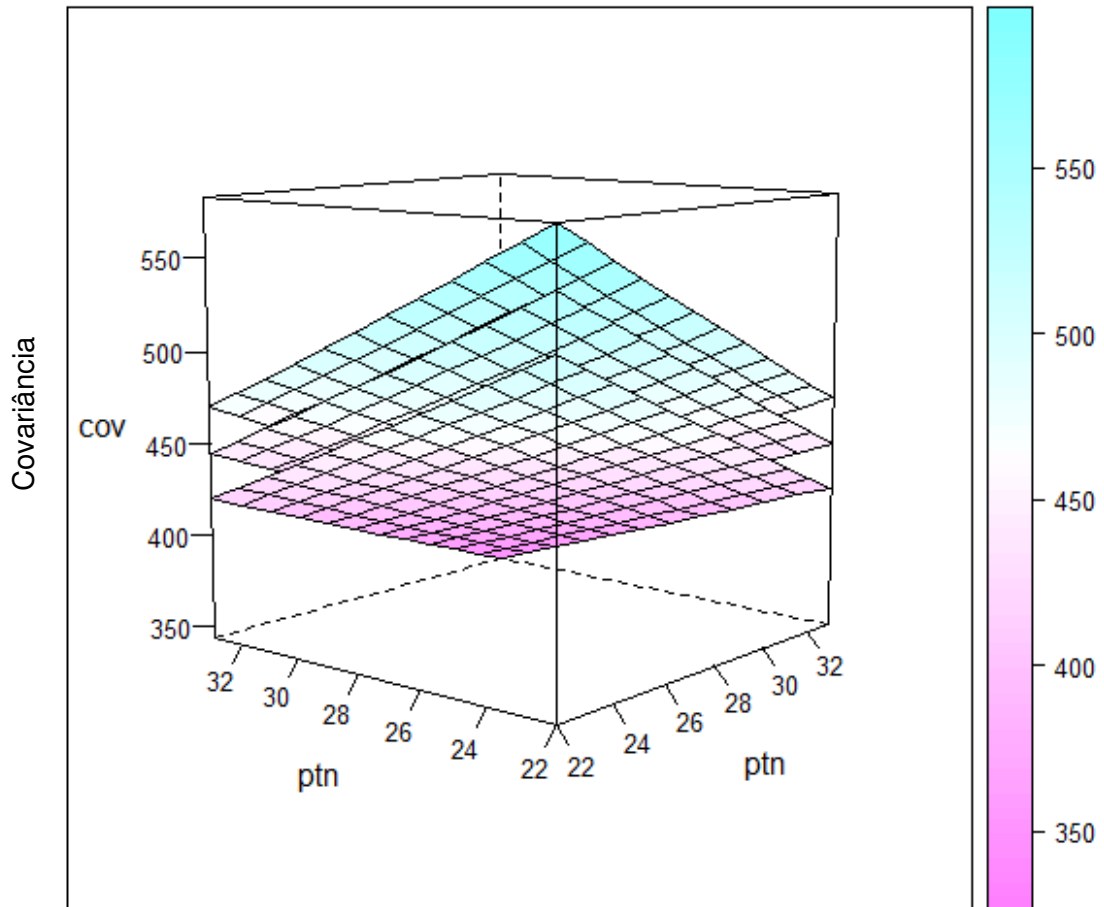


Figura 4. Estruturas de covariância do efeito genético aditivo direto em função do nível proteico da dieta estimadas no 21^o dia

A existência de heterogeneidade de sensibilidades genéticas ao nível proteico da dieta indica que os programas de seleção devem ser realizados para nível específico de proteína da dieta para a maximização do progresso genético. Dessa maneira, avaliações genéticas realizadas sob determinado nível proteico não permitiriam a predição de valores genéticos válidos para outros níveis proteicos, ou seja, os animais de maior valor genético no ambiente de seleção não apresentariam superioridade também em outros ambientes do intervalo considerado.

6 CONCLUSÃO

Verificou-se a presença de interação genótipo x ambiente para as idades 14 e 21 dias. Portanto, é possível concluir, nas condições do presente estudo, que existe plasticidade genética do peso de codornas de corte em relação ao nível de proteína usado na ração. As estimativas de herdabilidade variaram de moderadas a altas. Tais estimativas tendem a ser menores ao aumentar o nível de proteína. Portanto, avaliações genéticas realizadas para codornas de corte alimentadas com diferentes níveis de proteína bruta resultam na predição de valores genéticos diferentes ao variar o nível de proteína. Sob este ponto de vista, recomenda-se efetuar a classificação dos indivíduos no programa de melhoramento considerando a possível existência de plasticidade genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. IEEE Transactions on Automatic Control, Boston, v.19, n.6, p.716-723, Dec. 1973.

BONAFÉ, Cristina Moreira. Sensibilidade de valores genéticos às modificações de níveis de proteína das dietas e avaliação de carcaça de codornas de corte em crescimento. 2011. 54 f. Universidade Federal de Viçosa, 2011.

BONAFÉ, C. M.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R.; SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, F.G.; SOUSA, M.F. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. Revista Brasileira de Zootecnia, v.40, n.4, p.765-771, 2011.

Bonfim, D.S.; Mel, S.A. (2015). Influência do ambiente na criação de codornas de corte: Revisão. Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia, 9(4), 158-194.

CAETANO, G.C. ; SILVA, F.F. ; CALDERANO, A. ; SILVA, L.P. ; RIBEIRO, J.C.; OLIVEIRA, L.T. ; MOTA, R.R. Genotype and protein level interaction in growth traits of meat-type quail through reaction norm models. JOURNAL OF ANIMAL AND FEED SCIENCES, v. 26, p. 1, 2017.

CAETANO, GIOVANI DA COSTA. Conversão alimentar individual, interação genótipos x níveis de proteína e análise de imobilidade tônica em codornas de corte. 2018. 60 f. 2018.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R.; VALENTE, B.D.; SANTOS, G.G.; FREITAS, L.S.; CORRÊA, G.S.S.; and CORRÊA; A.B. Using reaction norm models with heterogeneous residual variance to study genetic values of meat type quail weight in function of crude protein levels of diet. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. v.64, n.4, p.991-1000, 2012.

FRANCE, J.; KEBREAB, E. Mathematical modeling in Animal Nutrition. Centre for Nutrition Modelling University of Guelph. 2008, 588p.

GELFAND, Alan E. Gibbs sampling. Statistics in the 21st Century, v. 95, n. 452, p. 341–349, 2000.

GEWEKE, J. (1992), Evaluating the Accuracy of Sampling-Based Approaches to the Calculation of Posterior Moments. *Bayesian Statistics 4* (Eds.) Oxford University Press, 169-193.

GONÇALVES, F.M.; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G.; DRUMOND, E.S.C.; FELIPE, V.P.S.; and PINHEIRO, S.R.F. Genetic evaluation of European quails by random regression models. Revista Brasileira de Zootecnia, v.41, n.9, p.2005-2011, 2012.

GOUVEIA, G. C. et al. Reaction norm models for the study of genotype \times methionine + cystine level interaction in meat-type quail. *Livestock Science*, v. 229, n. September, p. 56–63, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.09.016>>.

GRIEP JÚNIOR, D.N., Pereira, A.A., Lima Júnior, D.M., Alcantara, R.S., Silva, W.A., Moraes, S.S., Almeida, V.V.S., 2017. Evaluation of nutritional plans for meat quail. *Semina: Cienc. Agr.* 38, 821–830.

HEIDELBERGER, P., and P. D. Welch (1983). Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Oper. Res.*, 31:1109–1144.

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

Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., Lee, D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90), in: *Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Montpellier, France: WCGALP, pp. 19–23.

MEYER, Karin; KIRKPATRICK, Mark. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. *Genetics Selection Evolution*, v. 37, n. 1, p. 1, 2005.

MOTA, L.F.; ABREU, L.R.; SILVA, M.A.; PIRES, A.V.; LIMA, H.J.; BONAFÉ, C.M.; COSTA, L.S.; SOUZA, K.A.R.; and MARTINS, P.G. Genotype \times dietary (methionine + cystine): Lysine ratio interaction for body weight of meat-type quail using reaction norm models. *Livestock Science*, v.182, p.137-144, 2015.

MOTA, R.R.; MARQUES, L.F.A.; LOPES, P.S.; DA SILVA, L.P.; HIDALGO, A.M.; LEITE, C.D.S.; and TORRES, R.A. Random regression models in the evaluation of the growth curve of Simbrasil beef cattle. *Genetics and Molecular Research*, v.12, n.1, p.528-536, 2013.

NRC - National Research Council, *Nutrient requirements of poultry*, Washington: National Academy Press, 9th revised ed., 1994.

OLIVEIRA, HINAYAH ROJAS DE. Genetic and genomic analyses of longitudinal traits in dairy cattle. 2018.43 f. 2018.

PASTORE S.M.; OLIVEIRA, W.P.; MUNIZ J.C.L. Panorama da coturnicultura no Brasil. *Artigo 180*, v. 9 - p. 2041- 2049, 2012.

PAULINO C, TURKMAN M A, MURTEIRA B (2003) *Estatística Bayesiana*. Fundação Calouste Gulbenkian, Lisboa.

PEREIRA, R. J., A. B. BIGNARDI, L. EL FARO, R. S. VERNEQUE, A. E. VERCESI FILHO, AND L. G. ALBUQUERQUE. 2013. Random regression models using Legendre polynomials or linear splines for test-day milk yield of dairy Gyr (*Bos indicus*) cattle. *J. Dairy Sci.* 96:565-574. doi:10.3168/jds.2011-5051.

ROSTAGNO, H.S.; GOMES, P.C.; OLIVEIRA, R.F.; LOPES, D.C.; FERREIRA, A.S.; BARRETO, S.L.T.; and EUCLIDES, R.F. Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais. 3. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2011. 259 p.

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

SILVA, J.H.V.; FILHO, J.J.; COSTA F.G.P.; LACERDA, P.B.; VARGAS, D.G.V.; LIMA, M.R.; Exigências nutricionais de codornas; Rev. bras. saúde prod. anim. vol.13 no.3 Salvador July/Sept. 2012.

SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C.; CAETANO, G.C.; MOTA, R. R.; and TORRES, R.A. Genetic Analysis of Meat Type Quail Growth Under Different Nutritional Environments. In: 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Asas, 2014.

SPIEGELHALTER, D. J., BEST, N. G., CARLIN, B. P. AND VAN DER LINDE, A. (2002) Bayesian measures of model complexity and fit (with discussion). J. R. Statist. Soc. B, 64, 583–639.

TEIXEIRA, Rafael Bastos. Avaliação genética e estudo do crescimento de matrizes de codorna de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 2008. 49 f. 2008.