

JEFERSON CORRÊA RIBEIRO

**IDENTIDADE DE MODELOS NÃO LINEARES E REGRESSÃO ALEATÓRIA
PARA O ESTUDO DA CURVA DE CRESCIMENTO DE CODORNAS DE
CORTE EM DIFERENTES GERAÇÕES SOB SELEÇÃO**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2014

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

T

R484i
2014
Ribeiro, Jeferson Corrêa, 1979-
Identidade de modelos não lineares e regressão aleatória
para o estudo da curva de crescimento de codornas de corte em
diferentes gerações sob seleção / Jeferson Corrêa Ribeiro. –
Viçosa, MG, 2014.
x, 69f. : il. ; 29 cm.

Inclui anexo.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Codornas. 2. *Coturnix coturnix*. 3. Codornas - Aspectos
genéticos. 4. Codornas - Peso corporal. 5. Polinômios de
Legendre. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de
Zootecnia. Doutorado em Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 598.6272

JEFERSON CORRÊA RIBEIRO

**IDENTIDADE DE MODELOS NÃO LINEARES E REGRESSÃO ALEATÓRIA
PARA O ESTUDO DA CURVA DE CRESCIMENTO DE CODORNAS DE
CORTE EM DIFERENTES GERAÇÕES SOB SELEÇÃO**

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

APROVADA:11 de julho de 2014.

Moisés Nascimento

Gustavo Henrique de Souza

Antonio Policarpo Souza Carneiro
(Coorientador)

Fabyano Fonseca e Silva
(Coorientador)

Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

“Para os grandes amores da minha vida, minha
esposa Janaina, meus pais Ailton e Leninha e meus
irmãos Igor e Regiany, dedico...”

AGRADECIMENTOS

Esse trabalho não seria possível se não houvesse a contribuição de algumas pessoas. Em primeiro lugar, gostaria de agradecer a Deus por ter dado forças e sabedoria para eu poder executar esse trabalho, e por fazer com que tudo conspirasse ao meu favor. Gostaria de agradecer à Universidade Federal de Viçosa, em especial aos professores e funcionários do Departamento de Zootecnia, além do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia que contribuíram para a minha formação e execução desse trabalho. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), sou muito grato pelo financiamento desse trabalho. Gostaria de agradecer também a duas pessoas extremamente importantes na minha vida: aos meus pais Ailton e Leninha, por tantos exemplos de amor, honestidade, respeito e pelo grande incentivo. À minhas avós Rute e Marli, que tanto rezaram para minha saúde e para que eu vencesse essa etapa, sou imensamente grato. Não poderia esquecer nunca de agradecer aos meus irmãos Regiany e Igor, que desempenharam bem a função de irmãos, me trazendo alegria, amor, divertimento e paz interior.

Minha formação não seria possível também sem a ajuda do professor Robledo de Almeida Torres, que durante todo o tempo, desde o mestrado, se confundiu nas funções de orientador, professor e amigo, com uma capacidade incrível de transmitir aos seus orientados a arte de ensinar. Agradeço imensamente aos professores Antonio Policarpo Souza Carneiro e Fabyano Fonseca e Silva pelas sugestões e críticas importantes nesse trabalho. Aos amigos da Granja de Melhoramento de Aves, em especial à Lorena, Marcela, Karolina, Camila, Stefani, Anna, Willian, Matão, Zé Mauro, que foram

importantes na coleta dos dados. À Ariane (*in memoriam*), obrigado por todas as gargalhadas e “brigas” que tanto causam saudades. Aos amigos da pós-graduação: Mariele, Carlinha, Nadson, Edson, Felipe, Laís, Rodrigo Reis, Jô e Vinícius, pela amizade, carinho, conselhos e sugestões para a execução desse trabalho. Aos amigos de República, em especial à Deia, Marcelo e Júlio, pelo convívio diário, fazendo deste lar a minha casa e minha família por quatro anos.

Gostaria de agradecer imensamente aos meus grandes amigos (mais que amigos, irmãos) Luciano, Rodrigo Pacheco, Aline e Giovani, sem vocês nada disso seria possível. A todos que contribuíram com o dom da amizade, em especial ao Paulo, Geraldo, Ronaldo, Madalena e Diego. Aos amigos do Instituto Federal Goiano, em especial aos professores Wallacy Barbacena e Andréia Cezário, que tanto incentivaram o término desse trabalho.

Um agradecimento especial é necessário ao grande pilar da minha vida, por todo o amor e carinho depositado em mim: minha esposa Janaina. Juntos, somos imbatíveis e, com a graça de Deus, consolidamos todos os dias a nossa família.

A todos que direta ou indiretamente, contribuíram para a realização desse trabalho, agradeço imensamente!

BIOGRAFIA

Jeferson Corrêa Ribeiro, filho de Ailton Alves Ribeiro e Maria Helena Corrêa Ribeiro, nasceu em Sete Lagoas, estado das Minas Gerais, a 21 de dezembro de 1979.

Em fevereiro de 1999, iniciou o Curso de Ciências com Habilitação em Matemática pela Fundação Educacional Monsenhor Messias, em Sete Lagoas - MG, obtendo o diploma em Matemática em dezembro de 2002.

Em março de 2004, iniciou o Curso de Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa, onde fez estágio na área de melhoramento animal. Posteriormente, foi bolsista de iniciação científica do CNPq no Departamento de Estatística por dois anos, sob a orientação dos professores Antonio Policarpo Souza Carneiro e Fabyano Fonseca e Silva, desenvolvendo pesquisas junto à área de melhoramento animal e estatística. Em julho de 2008 obteve o diploma de graduação em Zootecnia.

Em julho de 2010 obteve o título de *Magister Scientiae* em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa, sob a orientação do professor Robledo de Almeida Torres, realizando seus estudos na área de Melhoramento Animal. Em agosto do mesmo ano, ingressou-se no Curso de Doutorado em Zootecnia, na mesma instituição, na área de Melhoramento Animal.

Em fevereiro de 2014, assumiu o cargo de professor do Ensino Básico, Técnico e Tecnológico do Departamento de Zootecnia do Instituto Federal Goiano – Campus Morrinhos, em Morrinhos - GO.

No dia 11 de julho de 2014, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	ix
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
OBJETIVOS.....	5
REVISÃO DE LITERATURA.....	6
Modelos de Regressão Não Linear em Estudos de Curva de Crescimento..	6
Modelos de Regressão Aleatória em Estudos de Curva de Crescimento.....	12
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	15
1. CAPÍTULO I	
Identidade de modelos não lineares para comparação de curvas de crescimento de codornas de corte	
1.1. RESUMO.....	20
1.2. ABSTRACT.....	22
1.3. INTRODUÇÃO.....	24
1.4. MATERIAL E MÉTODOS.....	28
1.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	32
1.6. CONCLUSÃO.....	44
1.7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	45
1.8. ANEXOS.....	49
2. CAPÍTULO II	
Modelos de regressão aleatória para comparação de curvas de crescimento de codornas de corte	
2.1. RESUMO.....	52
2.2. ABSTRACT.....	53
2.3. INTRODUÇÃO.....	55
2.4. MATERIAL E MÉTODOS.....	56
2.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	59
2.6. CONCLUSÃO.....	69
2.7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	69
3. CONCLUSÃO GERAL.....	72

RESUMO

RIBEIRO, Jeferson Corrêa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2014. **Identidade de modelos não lineares e regressão aleatória para o estudo da curva de crescimento de codornas de corte em diferentes gerações sob seleção.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientadores: Antonio Policarpo Souza Carneiro e Fabyano Fonseca e Silva.

O objetivo deste estudo foi comparar a modificação da curva de crescimento utilizando modelos de regressão não linear, com o uso do teste de identidade de modelos e através de modelos de regressão aleatória, com o uso de polinômios de Legendre em um conjunto de dados de 15 gerações de codornas de corte, em seleção para o maior peso aos 28 dias. O conjunto de dados foi separado em três grupos de gerações, inicial (G1), intermediário (G2) e final (G3), cada um com cinco gerações, sendo que a população fundadora continha 227 animais da linhagem UFV1 e 185 animais da linhagem UFV2, resultando em uma matriz de parentesco com 18.766 e 18.456 animais, de ambos os sexos, das linhagens UFV1 e UFV2, respectivamente. Para o estudo através de modelos de regressão não linear foram utilizados cinco registros de peso corporal, onde os animais, além do peso ao nascimento, foram pesados individualmente com 7, 14, 21 e 28 dias de idade. Inicialmente, buscou-se identificar qual o melhor modelo não linear que descrevesse a curva de crescimento usando os modelos de von Bertalanffy, Brody, Gompertz, Logístico, Richards e regressão linear segmentada (spline) com um nó aos 14 dias. Para o estudo da curva de crescimento através de modelos de regressão aleatória, os pesos individuais foram analisados com o uso do modelo animal, onde as idades foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre, com geração e sexo como efeito fixo. Entre os modelos analisados,

o modelo de Gompertz foi o mais adequado para descrever a curva de crescimento de codornas de corte para ambos os sexos nos três grupos de gerações. A partir do melhor modelo identificado, foi possível fazer a análise de identidade de modelos para verificar se houve mudanças na curva de crescimento dos animais. O resultado dos testes de razão de verossimilhança para a identidade de modelos indicou que o peso adulto e a taxa de maturidade foram significativamente diferentes entre os três grupos de gerações, para ambos os sexos, não sendo possível o uso de um único modelo que descreva o crescimento nos três grupos de gerações. Nos modelos de regressão aleatória, as estimativas de variância fenotípica tiveram desempenho semelhante para os três grupos, nas duas linhagens. No entanto, a variância genética aditiva diminuiu ao longo das gerações, enquanto houve aumento da variância de ambiente permanente e residual, à medida que a seleção atuou. A herdabilidade (h^2) diminuiu ao longo das gerações, sendo alta nos pesos ao nascimento, reduzindo nas idades intermediárias e aumentando à medida que o animal se aproximou da fase adulta. Assim, conclui-se que houve mudança na curva de crescimento dos animais ao longo das gerações, com aumento do peso assintótico e redução da taxa de maturidade dos animais, demonstrando que o processo de seleção foi eficiente. Recomenda-se a seleção dos animais aos 28 dias de vida, pois é a idade com maior valor da estimativa de h^2 . Como há diferenças entre os grupos de gerações, recomenda-se também utilizar apenas os dados das últimas gerações para características relacionadas ao peso dos animais ao invés de utilizar toda a informação contida no conjunto de dados, principalmente, quando há grande número de animais nas gerações iniciais, tanto para modelos de regressão não linear, quanto para regressão aleatória, reduzindo assim, erros de estimação.

ABSTRACT

RIBEIRO, Jeferson Corrêa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2014. **Identity of non-linear models and random regression models for the study of growth curve of meat type quails in different generations in selection.** Advisor: Robledo de Almeida Torres. Co-advisors: Antonio Policarpo Souza Carneiro and Fabyano Fonseca e Silva.

The aim of this study was to compare the change of the growth curve by nonlinear regression models, using the test of identity of models, and by random regression models, using Legendre polynomials in a dataset with 15 generations of meat type quail in selection for weight increasing at 28 days. The dataset was divided in three groups of generations, initial (G1), intermediate (G2) and final (G3), each one with five generations, where the founder population contained 227 animals of UFV1 strain and 185 animals of UFV2 strain, resulting in a relationship matrix with 18,766 and 18,456 animals of both sexes and strains. For the study through nonlinear regression models were used five body weight records, where animals besides birth weight, were individually weighed at 7, 14, 21 and 28 days of age. Initially, it was sought to identify the best nonlinear model describing the growth curve models using the von Bertalanffy, Brody, Gompertz, Logistic, Richards and segmented linear regression (spline) with a knot at 14 days. For the study of the growth curve through random regression models, individual weights were analyzed using the animal model, where ages were described in terms of orthogonal Legendre polynomials, with generation and sex as fixed effects. Among the analyzed models, the Gompertz model was the most appropriate to describe the growth curve of quails for both sexes in all groups of generations. From the best model that was identified, it was possible to analyze identity models to see if there

were changes in the growth curve of the animals. The result of the likelihood ratio tests for model identity indicated that the adult weight and maturing rate were significantly different between the three groups of generation, for both sexes, not being possible to use a single model that describes the growth in the three groups of generations. In random regression models, phenotypic variance estimates were similar for the performance in three groups, in both strains. However, the additive genetic variance decreased over the generations, while there was an increase of the variance of permanent environmental and residual, as the selection acted. The heritability (h^2) decreased over the generations, being high at the birth weights, reducing the intermediate ages and increasing as the animal approached adulthood. Thus, it is concluded that there was a change in the growth curve of the animals over the generations, with an increase in asymptotic weight and reduction of animal maturity, demonstrating that the selection process was efficient. Selection of animals at 28 days of life is recommended, because this is the age with the highest value of estimated h^2 . Because there are differences between groups of generations, it is also recommended to use only data from the last generations for traits related to the animal weights instead of using all the information contained in the data set, especially when there are large numbers of animals in initial generations, for both nonlinear regression models, as for random regression, thereby reducing estimation errors.

1. INTRODUÇÃO GERAL

Há muito tempo o homem utiliza o crescimento corporal para a escolha dos melhores animais, com o objetivo de aumentar o peso dos indivíduos em uma população. Por ser de fácil mensuração e excelente resposta à seleção, o crescimento dos animais está presente em todos os programas de melhoramento animal e, portanto, sendo alvo de estudo em diversas áreas do conhecimento, com o intuito de melhor conhecer o fenômeno por trás desse comportamento. A função de crescimento normalmente é analisada através da relação funcional entre peso e idade (SILVA *et al.*, 2001), avaliados repetidamente em intervalos pré-definidos de tempo.

Os programas de melhoramento sempre utilizaram o desenvolvimento corporal, através da mensuração do peso individual, determinado em uma idade fixa, como uma das principais características a serem selecionadas. De posse dessas medidas, era possível comparar os animais e selecioná-los de acordo com os objetivos impostos pelo programa.

O uso intenso dessa característica ao longo do tempo foi importante para o desenvolvimento das linhagens de alto desempenho em várias espécies animais. As atuais linhagens de frango são exemplos da importância do peso corporal na seleção de aves. Há bastante tempo, a seleção de aves, tem sido tradicionalmente feita sobre um peso a uma idade fixa, o que contribuiu para que a idade ao abate reduzisse bastante. Com isso, as linhagens atuais possuem um peso de abate elevado, com excelente deposição de músculo na carcaça em reduzido período de tempo. No caso de frangos de corte, os resultados indicaram uma redução de até um dia a cada geração de seleção (MIGNON-GRASTEAU *et al.*, 2001).

Entretanto, alguns autores como LONG (1973) contradiz o uso

intensivo dessa variável, afirmando que a seleção, não deve ser pensada somente em termos de peso e sim na sua composição que é o resultado da distribuição ou proporção dos tecidos, principalmente músculos, ossos e gordura. Ao efetuar a seleção basicamente pelo peso, podemos chegar a uma situação em que dois animais, que possuem mesmo peso, indicado pela balança, possuem biotipos diferentes. De fato, se fizermos uma análise mais detalhada, podemos perceber que alguns animais chegam à maturidade mais cedo, enquanto outros ainda estão em pleno crescimento, sendo mais tardios. Isso pode levar a uma seleção de biotipos não desejáveis. Por outro lado, dificilmente podemos encontrar uma característica de fácil mensuração e que sua resposta esteja diretamente ligada à produção de carne, tanto em qualidade quanto em quantidade. Por isso, o entendimento da curva de crescimento é tão importante.

A seleção para elevado peso corporal realizada em uma idade juvenil causa um aumento nos pesos ao longo do crescimento, especialmente na idade adulta. Além disso, tem sido relatado que ela ajuda a reduzir a idade de inflexão (MARKS, 1978; ANTHONY *et al.*, 1991). Entretanto, problemas com peso nos animais domésticos são alvos de estudo constantes. Em suínos, o baixo peso implica em uma menor proporção de leitões que entram no estro, redução da vida útil animal. O excesso de peso implica em maior número de natimortos, problemas de locomoção (MELLAGI *et al.*, 2009) e estreitamento do canal de parição. Nos machos o excesso de peso pode causar o atraso da manifestação da puberdade e baixa produção de sêmen. Em bovinos o excesso de peso está ligado ao comprometimento da mobilidade do animal (OLIVEIRA *et al.*, 2006), problemas reprodutivos, aumento da energia de manutenção e atraso na deposição de gordura na carcaça. Nas aves, animais

muito pesados reduzem o número de montas naturais, aumento na incidência de pernas quebradas e morte por ascite. O aumento de peso nos machos, por exemplo, influencia no comportamento da cópula e na concentração espermática.

O aumento do peso nos animais também aumenta a necessidade de energia de manutenção e dietas com excesso de energia metabolizável influencia a concentração espermática em aves, reduzindo-a (BORGES *et al.*, 2006). Além disso, aves com peso em excesso podem desenvolver situações de imobilidade tônica. Esse comportamento pode estar relacionado com modificações no controle simpático-vagal do coração (MILLS & FAURE, 1991), o qual pode influenciar na resposta a situações de estresse, contribuindo para o bem-estar animal (VALANCE *et al.*, 2007). Em codornas, as fêmeas são maiores que os machos, e quando atingem a puberdade, continuam a ganhar peso, com aumento considerável de tecidos do sistema reprodutivo. Isso faz com que o rendimento de carcaça decresça consideravelmente, ou seja, os animais seriam selecionados simplesmente para maiores pesos, podendo esse peso ser constituído, em boa parte, por vísceras, reduzindo o rendimento da carcaça. O estudo da função de crescimento permitiria ao melhorista selecionar os animais para que continuem atingindo pesos consideráveis, sem prejuízos para outras características como as reprodutivas ou de sobrevivência.

Uma desvantagem da seleção para altas taxas de crescimento é que esta é altamente correlacionada com o peso assintótico e resultaria em animais maiores na fase adulta quando comparados aos de crescimento lento (TAYLOR, 2008) o que exige manejo diferenciado de reprodutores para que não atinjam altos pesos corporais comprometendo a reprodução.

Características que são mensuradas várias vezes durante a vida do

animal são consideradas como longitudinais, ou seja, características de dimensão infinita (SARMENTO, 2007). Essas características podem ser descritas por uma função, em vez de um número finito de mensurações (KIRKPATRICK & HECKMAN, 1989) e um exemplo é a trajetória de crescimento dos animais, que relaciona a idade e o peso de cada indivíduo. O interessante disso tudo é que cada medida de peso pode ser considerando diferente, pois segundo VAN DER WERF & SCHAEFFER (1997), diferentes genes que se expressam em diferentes idades do animal, causam alterações fisiológicas e no desempenho do indivíduo.

Quando uma sequência de pesagens, ou quaisquer medidas de tamanho, são tomadas em um mesmo indivíduo, do nascimento à maturidade, é possível construir uma curva do tamanho corporal em função da idade, que representa todo o processo de crescimento e uma das formas de se estudar as funções de crescimento é através de modelos de regressão não linear. A regressão não linear usa modelos matemáticos baseados basicamente em três ou quatro parâmetros baseados no peso assintótico, velocidade de crescimento, proporção do crescimento assintótico e, em alguns casos, um parâmetro que dá forma a curva, sendo esses capazes de reunir todo o fenômeno dessa característica nos animais. Outra forma de estudar a curva de crescimento é através de modelos de regressão aleatória (MRA). Os MRAs permitem a predição de coeficientes de regressão que representam o comportamento do valor genético aditivo de cada animal na característica avaliada em função do tempo (idade) ou qualquer outra variável contínua.

Neste trabalho, vamos estudar a curva de crescimento de duas linhagens de codornas de corte sob o enfoque da regressão não linear e através dos modelos de regressão aleatória.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

O objetivo desse trabalho foi comparar as curvas de crescimentos de codornas de corte de 15 gerações de seleção.

2.2. Objetivos Específicos

O presente trabalho teve como objetivos específicos comparar a curva de crescimento de duas linhagens de codornas de corte em diferentes grupos de geração de seleção, estudar as modificações na curva de crescimento ao longo das gerações de seleção, ou seja, estudar o efeito da seleção sobre os parâmetros da curva de crescimento, utilizando modelos de regressão não linear, com o uso do teste de identidade de modelos.

Objetivou-se também, comparar a curva de crescimento genético das mesmas linhagens, utilizando modelos de regressão aleatória, baseados em polinômios de Legendre.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Modelos de Regressão Não Linear em Estudos de Curva de Crescimento

Tentar descrever a função de crescimento de animais por modelos matemáticos são alvos de diversas pesquisas onde, características quantitativas são tomadas, a fim de representar fatores que influenciam o fenômeno em questão (RONDON *et al.*, 2002).

O estudo de curvas de crescimento através de modelos não lineares iniciou-se com o modelo de von Bertalanffy para estudos metabólicos (RICHARDS, 1959). Entretanto, foi em pesquisas com dados longitudinais, ou

seja, medidas repetidas ao longo de um determinado tempo, é que o emprego dos modelos não lineares atingiu a sua plenitude. Esse tipo de estudo é de extrema importância na produção animal, principalmente em pesquisas que envolvem situações em que as unidades experimentais ou indivíduos, de diferentes subpopulações ou tratamentos (sexo, raça, entre outros), são analisados ao longo de diversas condições de avaliação, como tempo, doses, entre outros.

A razão fundamental do uso dos modelos não lineares em curvas de crescimento está na informação contida nos parâmetros, que em pequeno número, é capaz de fornecer estimativas de taxas de crescimento, grau de maturidade e peso à maturidade (peso assintótico), através de coordenadas de peso e tempo (LAIRD & HOWARD, 1967). A importância desses parâmetros para o melhoramento animal está na possibilidade de detectar, em uma população, animais mais pesados em idades mais precoces (THOLON & QUEIROZ, 2009), além de fornecer informações como variação genética e ambiental que ocorre entre as avaliações consecutivas (MANSOUR *et al.*, 1991). Outra vantagem do uso dos modelos não lineares é permitir conhecer a função de crescimento de uma população. Isso permite planejar mudanças na estratégia de alimentação e seleção dos animais, tendo maior controle sobre o ganho de peso.

Segundo THOLON & QUEIROZ (2009), nos modelos não lineares, a matriz de informação do sistema contém entre seus elementos, todos ou alguns parâmetros, que serão estimados, sendo a solução do problema dependente da substituição dos parâmetros por prováveis valores. Nesse sistema, por processos iterativos, busca-se um valor mínimo para a soma de quadrados do erro ou resíduo, apontando a solução, teoricamente, ideal. Essa dependência

de valores iniciais para ajuste dos dados é tão grande, que exercem influência no número de iterações e na velocidade para atingir a convergência, e até mesmo no próprio processo de convergência.

A estimação dos parâmetros necessita de uma solução numérica e é feita, geralmente, pelo método de Gauss-Newton, também conhecido como método da linearização. Segundo THOLON & QUEIROZ (2009), esse método aplica uma aproximação por expansão da série de Taylor para aproximar o modelo de regressão não linear aos termos lineares e, então, estima os parâmetros por quadrados mínimos ordinários. O processo iterativo desses passos, geralmente, conduz a uma solução para o problema de regressão não linear. A aplicação do método de Gauss-Newton principia pela atribuição de valores iniciais aos parâmetros. Esses valores iniciais podem ser obtidos de estudos anteriores, conhecimentos teóricos do pesquisador ou ainda através de métodos aplicáveis a situações peculiares, como o proposto por SILVEIRA JUNIOR *et al.* (1992). Esses autores propuseram uma análise preliminar de diferenças que conduziu à eliminação de um ou mais parâmetros e a um modelo linearizável por transformação logarítmica. Estimativas de quadrados mínimos, obtidas por regressão linear simples, foram então tomadas como valores preliminares (THOLON & QUEIROZ, 2009).

A grande vantagem dos modelos não lineares é a possibilidade do estudo da curva de crescimento a partir de três ou quatro parâmetros. Na tabela 1, estão alguns modelos não lineares usados em diversas pesquisas que envolvem curvas de crescimento.

Tabela 1 – Modelos de regressão não linear usados para descrever curvas de crescimento.

Modelo não linear	Modelo de curva de crescimento	Referência
von Bertalanffy	$y_i = A(1 - b \exp^{-kt_i})^3 + e_i$	VON BERTALANFFY (1957)
Brody	$y_i = A(1 - b \exp^{-kt_i}) + e_i$	BRODY (1945)
Gompertz	$y_i = A \exp^{(-\exp(b-kt_i))} + e_i$	GOMPertz & PHILOS (1825)
Logístico	$y_i = \frac{A}{(1 + \exp^{(b-kt_i)})} + e_i$	RATKOWSKI (1983)
Richards	$y_i = \frac{A}{(1 + \exp^{(b-kt_i)})^{\frac{1}{m}}} + e_i$	RICHARDS (1959)
Schnute	$y_i = \frac{A}{(1 + m \cdot \exp^{(bk-t_i)})^{\frac{1}{m}}} + e_i$	SCHNUTE (1981)
Mitscherlich	$y_i = A(1 - \exp^{(kb-kt_i)}) + e_i$	MITSCHERLICH (1919)
Meloun I	$y_i = A - b \cdot \exp^{(-kt_i)} + e_i$	MELOUN & MILITKY (1996)
Meloun II	$y_i = A - \exp^{(-b-kt_i)} + e_i$	MELOUN & MILITKY (1996)
Michaelis-Menten	$y_i = \frac{A t_i}{t_i + b} + e_i$	MICHAELIS & MENTEN (1913)
Michaelis-Menten modificado	$y_i = \frac{b \cdot k^m + A t_i^m}{k^m + t_i^m} + e_i$	LOPEZ <i>et al.</i> (2000)
Weibull	$y_i = A - b \cdot \exp^{-\exp^k t_i^m} + e_i$	RATKOWSKI (1983)

y_i é o valor observado, A é o peso assintótico, b é a constante de integração, k é o índice de maturidade, t_i é o tempo dado em dias, m é o parâmetro que dá forma à curva, e_i é o erro aleatório.

De acordo com FREITAS (2005), o parâmetro A é uma estimativa do peso assintótico (peso adulto) ou o peso limite, se $t \rightarrow \infty$; quando o peso adulto do animal não é atingido, A reflete uma estimativa do peso às últimas pesagens. O parâmetro b não possui interpretação biológica, porém é uma constante de integração, relacionado aos pesos iniciais do animal, indicando a proporção do crescimento assintótico a ser ganho depois do nascimento. A sua importância está na modelagem da curva sigmoideal desde o nascimento ($t = 0$) até a idade adulta ($t \rightarrow \infty$) do animal. O parâmetro K ou índice de maturidade é a razão da taxa de crescimento máxima em relação ao tamanho adulto, ou seja, em outras palavras K é um indicador da velocidade com que o animal se aproxima do peso adulto, onde valores altos indicam maturidade precoce e valores baixos, maturidade retardada. O parâmetro m dá forma à curva e está presente em alguns modelos sendo denominado parâmetro de inflexão (nos modelos que não contem o parâmetro m , assume-se que m tem valor igual a 1). Esse parâmetro refere-se ao ponto em que o animal passa para uma fase de autoinibição, indicando o ponto a partir do qual passa a crescer com menor velocidade. Na fase onde ocorre a mudança na taxa de crescimento, chamado ponto de inflexão, o crescimento é essencialmente linear e a sua estimativa pode estar mais influenciada pelas propriedades da equação específica escolhida para ajustar os dados do que propriamente pelo fenótipo do animal (FITZHUGH, 1976).

Na literatura, vários trabalhos tem como tema a curva de crescimento nas aves como em perdzizes (THOLON & QUEIROZ, 2007; THOLON & QUEIROZ, 2008), perus (ANTHONY *et al.*, 1991; SEGÜL & KIRAZ, 2005), galinhas poedeiras (BRACCINI NETO, 1993; MIGNON-GASTEAU *et al.*, 1999; MIGNON-GASTEAU & BEAUMONT, 2000), frangos de corte (STILBORN *et al.*,

1994; HRUBY *et al.*, 1994) e patos (MARUYAMA *et al.*, 1999; VITEZICA *et al.*, 2010).

BRACCINI NETO (1993), analisando dados de aves de postura, estimou herdabilidade para o parâmetro A do modelo von Bertalanffy, utilizando componente paterno, componente materno e componente médio de pai e mãe, iguais a $0,52 \pm 0,18$; $0,29 \pm 0,12$ e $0,40 \pm 0,09$, respectivamente. Para o parâmetro K , as estimativas foram $0,25 \pm 0,12$; $0,48 \pm 0,14$ e $0,36 \pm 0,09$, respectivamente, permitindo concluir que um rápido progresso genético poderá ser alcançado nas primeiras gerações, por meio da seleção fenotípica individual, com base nos parâmetros da curva de crescimento.

AGGREY (2002) comparou três modelos não lineares (Richards, Gompertz e Logística) e spline com quatro nós, em dados de crescimentos de uma linhagem de frangos de corte, contendo 405 animais, obtidos em duas eclosões. Com base nos critérios de ajuste, os modelos não lineares se ajustaram aos dados melhor do que o modelo spline. O modelo de Richards era esperado apresentar o melhor ajuste, entretanto, o modelo de Gompertz também se ajustou bem aos dados. Já o modelo logístico teve o pior ajuste dos quatro modelos analisados. Um dos grandes problemas observados com o uso de modelos não lineares é a estimação do peso inicial. Muitas vezes, os modelos estimam o peso inicial bastante diferente do observado, inclusive com valores negativos para peso corporal. Nesse estudo, a função spline foi o melhor modelo para estimar o peso inicial e o peso assintótico. Assim, o autor recomenda o uso de Splines porque evitaria problemas em estimar pesos implausíveis, além de permitirem melhor ajuste em regiões específicas da curva de crescimento e que estejam relacionados à outra região também de interesse, por serem mais flexíveis. Em frangos, por exemplo, os nós podem

ser criados em idades onde regime de alimentação é alterado para determinar a taxa de crescimento em intervalos específicos.

Analisando dados de frangos de corte, FREITAS (2005) ajustou os modelos de Brody, von Bertalanffy, Logístico, Gompertz e Richards, com o objetivo de obter um modelo mais versátil para estudo de dados de crescimento. De modo geral, os modelos de Gompertz e Logísticos apresentaram bons ajustes. Entretanto, os modelos de Gompertz e von Bertalanffy subestimaram os pesos iniciais até 12 dias de idade, enquanto os Logísticos superestimaram até oito dias. Para as idades intermediárias, os cinco modelos proporcionaram bom ajuste, mas todos subestimaram o peso a partir de 65 dias.

Em codornas, poucas são as pesquisas envolvendo curva de crescimento. Em seus estudos, NARINC *et al.* (2010) ajustaram 10 modelos não lineares (Gompertz, Richards, Logístico, von Bertalanffy, Brody, Exponencial Negativo, Morgan-Mercer Flodin e três modelos Hiperbolísticos) em dados de crescimento de 499 codornas japonesas. Os resultados da análise indicaram o modelo de Gompertz como o mais adequado.

DRUMOND *et al.* (2013) utilizou um banco de dados com 24.679 registros de peso corporal de codornas de corte, coletados semanalmente até o 42º dia de vida, com o intuito de obter o melhor modelo comparando as equações de Brody, von Bertalanffy, Richards, Logístico e Gompertz. Os parâmetros dos modelos foram estimados para machos e fêmeas separadamente. Dos cinco modelos utilizados, apenas o modelo de Richards não apresentou convergência, tanto para machos como para fêmeas. O modelo mais indicado nesse estudo foi o de Gompertz para machos e o modelo Logístico para as fêmeas.

Em outro estudo, BEIKI *et al.* (2013) analisaram dados de peso corporal de 575 codornas japonesas, separadas em três linhagens de alto e baixo peso, além da linha controle. Para o estudo da curva de crescimento, sete modelos foram utilizados: Hiperbólico (H1, H2, H3), Richards, Gompertz, Logístico e von Bertalanffy. Para todas as linhagens estudadas, o modelo que melhor se ajustou aos dados foi o de Richards. O modelo de Richards revelou também que a seleção divergente de curto prazo alterou a trajetória de crescimento das linhas selecionadas através da mudança na forma da curva, dos parâmetros e das taxas de crescimento relativo.

3.2. Modelos de Regressão Aleatória em Estudos de Curva de Crescimento

Outra forma de estudar a curva de crescimento dos animais é usando os modelos de regressão aleatória. Os MRA (HENDERSON Jr., 1982) têm sido propostos como alternativa para avaliação genética de características que são medidas repetidamente na vida do animal ou são consideradas como funções contínuas, tais como as medidas de peso dos animais. Segundo SILVA *et al.* (2008), os MRA são uma alternativa em relação aos modelos de repetibilidade e multicaracterísticos. Os modelos de repetibilidade fornecem predições únicas, válidas para todas as idades e ambientes considerados, enquanto os modelos multicaracterísticos resultam em predições para número limitado de idades ou ambientes. Os MRA podem ser chamados também de modelos de dimensão infinita, uma vez que existem medidas infinitas por indivíduo e tais medidas são mais correlacionadas, quanto mais próximas entre si (EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003), permitem a predição de coeficientes de regressão que representam o comportamento do valor genético aditivo de

cada animal na característica avaliada em função do tempo (idade) ou qualquer outra variável contínua. Desta forma, infinitos valores da variável independente são considerados dentro de um intervalo definido. Por este motivo, o modelo não exige utilização de fatores de ajustes para idades consideradas como padrão e permite uma melhor utilização dos dados disponíveis, já que todas as informações do animal e de seus parentes são utilizadas (SILVA *et al.*, 2008).

Os MRA baseiam-se na estimação de uma curva fixa para o conjunto de dados e a curva de regressão de cada animal representa um desvio da curva fixa. As estimativas dos componentes de covariância atribuídos aos coeficientes de regressão aleatórios permitem estimar a covariância entre quaisquer valores da variável independente para o efeito aleatório modelado, o que é realizado por meio da função de covariância. Esta função de covariância descreve toda a estrutura de covariância deste efeito para o intervalo considerado na variável independente (SILVA *et al.*, 2008). Segundo EL FARO & ALBUQUERQUE (2003), as funções de covariância foram propostas por KIRKPATRICK *et al.* (1990) para a análise de dados longitudinais, sendo equivalentes às matrizes de covariância dos modelos multivariados de dimensão finita. As funções de covariância podem ser obtidas a partir das matrizes de variância e covariância dos modelos de dimensão finita, ou por meio das matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão, estimadas pelos MRA (VAN DER WERF & SCHAEFFER, 1997; MEYER, 1998). Esses mesmos autores afirmam ainda que as funções de covariâncias permitem descrever mudanças graduais das covariâncias com o passar do tempo, predizendo variâncias e covariâncias para pontos ao longo de uma trajetória, mesmo que haja pouca ou nenhuma informação entre os pontos. Permitem também a modelagem dos efeitos aleatórios, utilizando funções polinomiais lineares, além

de considerar heterogeneidade de variâncias residuais em cada dia da coleta dos dados.

Trabalhos envolvendo modelos de regressão aleatória para dados de crescimento em aves são escassos na literatura. THOLON & QUEIROZ (2008), analisou dados de 7.369 registros de peso corporal medidos desde o nascimento até 210 dias de perdizes nascidos entre 2000 e 2004, com o objetivo de modelar a estrutura das variâncias residuais heterogêneas para cada idade, usando polinômios de Legendre para modelar os efeitos aleatórios do modelo. O modelo que se mostrou mais parcimonioso continha um polinômio de Legendre de ordem 6 para efeitos fixos, 6 para efeitos genético aditivo e 6 para efeito de ambiente permanente.

BONAFÉ *et al.* (2011) analisou dados de crescimento, de 3.909 e 4.040 codornas de corte das linhagens UFV1 e UFV2, respectivamente, com o objetivo de avaliar o melhor modelo de regressão aleatória que melhor se ajustaria ao estudo genético da curva de crescimento dos animais. O peso corporal nas duas linhagens foi avaliado aos 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade. Ordens de ajuste das funções contínuas foram gradualmente aumentadas (ordens variando de 3 a 6) para determinação da ordem mínima necessária para descrever as estruturas de covariância em função do tempo nos modelos de regressão aleatória. A função polinomial de Legendre com as ordens 6 para efeito genético aditivo direto e 5 para efeito permanente de animal, para a linhagem UFV1, e 6 para ambos os efeitos aleatórios, para a linhagem UFV2, foram os mais adequados para descrever a curva de crescimento dos animais.

ROVADOSCKI (2012) com o objetivo de comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob

modelos de regressão aleatória, utilizando dados de 2.027 animais de quatro linhagens experimentais de frango caipira. O modelo considerado mais parcimonioso for o que continha o polinômio de 3ª ordem da escala de Legendre, tanto para efeitos fixos, quanto para efeitos aleatórios.

Outros trabalhos envolvendo regressão aleatória com dados longitudinais em melhoramento animal, com ajuste dos modelos por meio de polinômios ortogonais de Legendre podem ser consultados em BOHMANOVA *et al.*, (2008); BIGNARDI *et al.*, (2008); CHEN, *et al.*, (2011); STERI *et al.*, (2012); PEREIRA *et al.*, (2013).

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGGREY, S.E.; Comparison of Three Nonlinear and Spline Regression Models for Describing Chicken Growth Curves. **Poultry Science**, v.81, p.1782–1788, 2002.
- ANTHONY, N.B.; EMMERSON, D.A.; NESTOR, K.E. Research note: influence of body weight selection on the growth curve of turkeys. **Poultry Science**, v.70, p.192-194 1991.
- BEIKI, H.; PAKDEL, A.; MORADI-SHAHRBABA, M.; MEHRBAN, H. Evaluation of Growth Functions on Japanese Quail Lines. **Journal Poultry Science**, v.50, p.20-27, 2013.
- BIGNARDI, A.B. EL FARO, L. ALBUQUERQUE, L.G. et al. Modelos de regressão aleatória empregando funções B-Splines para modelar a produção de leite de vacas da raça Holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 45., 2008, Lavras. **Anais...** Lavras: SBZ, 2008. (CD-ROM).
- BOHMANOVA, J., MIGLIOR, F., JAMROZIK, J. et al. Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear Splines for production traits and somatic cell score of Canadian Holstein cows. **Journal Dairy Science**, v.91, p.3627–3638, 2008.
- BONAFE, 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.
- BORGES, C.A.Q.; Rostagno, H.S.; Silva, J.H.V.; et al. Exigências de energia e composição da carcaça de galos reprodutores pesados em função do consumo energético na fase de reprodução. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, 2006.

- BRACCINI NETO, J. Estudo genético de curvas de crescimento de aves de postura. 1993. 102f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas, RS.
- BRODY, S.; **Bioenergetics and Growth**. Rheinhold Publishing, New York. 1945.
- CHEN, C.Y.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; HERRING, W.O.; HOLL, J.; CULBERTSON M.; Genetic analyses of stillbirth in relation to litter size using random regression models. **Journal of Animal Science**, v.88, p.3800-3808, 2010.
- DRUMOND, E.S.C.; GONÇALVES, F.M.; VELOSO, R.C.; AMARAL, J.M.; BALOTIN, L.V.; PIRES, A.V.; MOREIRA, J. Curvas de crescimento para codornas de corte. **Ciência Rural**, v.43, n.10, p.1872-1877, 2013.
- EL FARO, L. ; ALBUQUERQUE, L.G.; Utilização de Modelos de Regressão Aleatória para Produção de Leite no Dia do Controle, com Diferentes Estruturas de Variâncias Residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003
- FITZHUGH Jr., H.A.; Analysis of Growth Curves and Strategies for Altering Their Shape. **Journal of Animal Science**, v.42 p.1036-1051, 1976.
- FREITAS, A. R.; Curvas de Crescimento na Produção Animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005.
- GOMPERTZ, B.; PHILOS, T.; On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies, **Royal Society of London**, v.115, p.513–585, 1825.
- HENDERSON Jr., C.R.; Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, p.623-640, 1982.
- HRUBY M. et al. Growth modeling as a tool for predicting amino acid requirements of broilers. **Journal of Applied Poultry Research**, v.3, n.4, p.403-415, 1994.
- KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.
- KIRKPATRICK, M., LOFSVOLD, D., BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**. 124:979-993, 1990.
- LAIRD, A.K.; HOWARD, A. Growth curves in inbred mice. **Nature**, v.213, n.5078, p.786-788, 1967.
- LONG. R.L.; El sistema de evaluación de Ankony y su aplicación en la mejora del ganado. Colorado. **Ankony Corporation**, 20p. 1973.
- LOPEZ, S.; FRANCE, J.; GERRITS, W.J.; DHANOA, M.S.; HUMPHRIES, D.J.; DIJKSTRA, J. A generalized Michaelis-Menten equation for the analysis of growth. **Journal of Animal Science**, v.78, p.1816-1828, 2000.
- MANSOUR, H. et al. Analysis of covariance structure of repeated measurements in holstein conformation traits. **Journal of Dairy Science**, v.74, n.8, p.2757-2766, 1991.

- MARUYAMA, K. et al. Growth patterns and carcass development in male ducks selected for growth rate. **British Poultry Science**, v.40, p.233-239, 1999.
- MARKS, H.L. Growth curve changes associated with long term selection for body weight in japanese quail. **Growth**, v.42, p.129-140, 1978.
- MELLAGI, A.A.G.; BORTOLOZZO, F.P.; BERNARDI, M.L.; KUMMER, R.; WENTZ, I. Sows production with different body growth rate. **Acta Scientiae Veterinariae**, v.37, p.175-182, 2009.
- MELOUN, M.; MILITKÝ, J. Sbírka úloh, **Statistické zpracování experimentálních dat**. Pardubice: Universita Pardubice. 1996.
- MEYER, K. "DXMRR" – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: University of New England, 1998. CD ROM.
- MICHAELIS, L.; MENTEN, M.L. Die kinetik der invertinwirkung. **Biochemische Zeitschrift**, v.49, 334-336, 1913.
- MIGNON-GASTEAU, S. et al. Genetic parameters of growth curve parameters in male and female chickens. **British Poultry Science**, v.40, p.44-51, 1999.
- MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C.; RICARD, F.H. Genetic Analysis of a Selection Experiment on the Growth Curve of Chickens. **Poultry Science**, v.80 p.849-854, 2001.
- MILLS, A.D.; FAURE, J.M. Divergent Selection for Duration of Tonic Immobility and Social Reinstatement Behavior in Japanese Quail (*Coturnix coturnix japonica*) Chicks. **Journal of Comparative Psychology**, v.105, n.1 p.25-38, 1991.
- MITSCHERLICH, E.A. Das Gesetz des Pflanzenwachstums. **Landwirtsch Jahrb**, v.53, p.167-182. 1919.
- NARINC, D.; KARAMAN, E.; FIRAT, M.Z.; AKSAY, T. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in japanese quail. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.14, p.1961-1966, 2010.
- OLIVEIRA, R.L.; BARBOSA, M.A.A.F.; LADEIRA, M.M.; SILVA, M.M.P.; ZIVIANI, A.C.; BAGALDO, A.R.; Beef cattle nutrition and production during reproduction phase. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.7, n.1, p.57-86, 2006.
- PEREIRA, R.J.; BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; VERNEQUE, R.S.; VERCESI FILHO, A.E.; ALBUQUERQUE, L.G.; Random regression models using Legendre polynomials or linear Splines for test-day milk yield of dairy Gyr (*Bos indicus*) cattle. **Journal of Dairy Science**, v.96, p.565–574, 2013.
- RATKOWSKI, D.A. **Nonlinear regression modeling: a unified practical approach**. Marcel Dekker, New York. 1983.
- ROVADOSCKI, G.A. **Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em linhagens nacionais de frango caipira**. 2012. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidad de São Paulo, Piracicaba, 2012. Disponível em: <http://www.teses.usp.br/teses/diponiveis/11/11139/tde-14022013-172453/> .Acesso em: 17-01-2014.

- RICHARDS, F.J. A flexible growth function for empirical use. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.10, p.290-300, 1959.
- RONDON E.O.O.; MURAKAMI, A.E.; SAKAGUTI, E.S. Modelagem computacional para produção e pesquisa em avicultura. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v.4, n.1, p.199-207, 2002.
- SARMENTO, J.L.R.; **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. 2007. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2007. Disponível em: <http://www.tede.ufv.br/tedesimplificado/tde_arquivos/21/TDE-2007-0815T141209Z-760/Publico/texto%20completo.pdf>. Acesso em: 20-04-2014.
- SCHNUTE, J. A versatile growth model with statistically stable parameters. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v.38, p.1128-1140, 1981.
- SEGÜL, T.; KIRAZ, S. Non-linear models for growth curves in large white turkeys. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v.29, p.331-337, 2005.
- SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; OLIVEIRA, A.I.G. Influência de fatores genéticos e ambientais sobre as estimativas dos parâmetros das funções de crescimento em gado Nelore. **Ciência e Agrotecnologia**, v.25, n.5, p.1195-1205, 2001.
- SILVA, M.A.; **Modelos Lineares Aplicados ao Melhoramento Genético Animal**. In: THIÉBAUT, J.T.L.; VALENTE, B.D.; TORRES, R.A.; FARIA, F.J.C.; 1ª ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2008, p.322-323
- SILVEIRA JUNIOR. P.; et al. Método de obtenção de estimativas preliminares de parâmetros de modelos não lineares de crescimento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, n.12, p.1607-1613, 1992.
- STERI, R.; DIMAURO, C.; CANAVESI, F.; NICOLAZZI, E.L.; MACCIOTTA, N.P.P.; Analysis of lactation shapes in extended lactations. **Animal**, v.6, n.10, p.1572–1582, 2012.
- STILBORN, H.L. et al. Experimental data for evaluating broiler models. **Journal Applied of Poultry Research**, v.3, p.379-390, 1994.
- TAYLOR, C.S. **Genetic Size-scaling**. In: Rauw, W.M. Resource Allocation Theory Applied to Farm Animal Production. CABI International, Wallingford, UK, p.147–168, 2008.
- THOLON P.; QUEIROZ, S.A. Models for the analysis of growth curves for rearing tinamous (*Rhynchotus rufescens*) in captivity. **Brazilian Journal of Poultry Science**, v.9, n.1, p.23-31, 2007.
- THOLON P.; QUEIROZ, S.A. Utilização de diferentes estruturas de variância residual em modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. **Caatinga**, v.21, n.2, p.37-47, 2008.
- THOLON, P.; QUEIROZ, S.A. Modelos matemáticos utilizados para descrever curvas de crescimento em aves aplicados ao melhoramento genético animal. **Cienc. Rural**, v.39, n7, p. 2261-2269, 2009.

- VALANCE, D.; DESPRÈS, G.; BOISSY, A.; MIGNON-GRASTEAU, S.; CONSTANTIN, P.; LETERRIER, C. Genetic selection on a behavioural fear trait is associated with changes in heart rate variability in quail. **Genes, Brain and Behavior**, v.6 p.339-346, 2007.
- VAN DER WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random regression in animal breeding**. Course Notes, Ontario: University of Guelph, 70p., 1997.
- VITEZICA, Z.G.; MARIE-ETANCELIN, C.; BERNADET, M.D.; FERNANDEZ, X.; ROBERT-GRANIE, C.; Comparison of nonlinear and spline regression models for describing mule duck growth curves. **Poultry Science**, v.89, p.1778–1784, 2010.
- VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws for metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, v.32, p.217–231, 1957.

CAPÍTULO 1

Identidade de modelos não lineares para comparação de curvas de crescimento de codornas de corte

1.1. RESUMO

O objetivo desse estudo foi identificar a mudança na curva de crescimento dos animais ao longo das gerações de seleção, através do teste de identidade de modelos. Um conjunto de dados de 15 gerações de codornas de corte, de duas linhagens, em seleção para peso aos 28 dias, foi separado em três períodos de seleção, inicial (G1), intermediário (G2) e final (G3), cada um com cinco gerações. Os dados utilizados continham cinco registros de peso corporal, onde os animais, além do peso de nascimento, foram pesados individualmente com 7, 14, 21, e 28 dias de vida. Foram utilizados os modelos não lineares de von Bertalanffy, Brody, Gompertz, Logístico, Richards e regressão linear segmentada (spline) com um nó aos 14 dias. Dentre os modelos testados, o modelo de Gompertz foi o mais adequado para descrever a curva de crescimento de codornas de corte para ambos os sexos nos três grupos de gerações e nas duas linhagens. Testes de razão de verossimilhança indicaram que o peso adulto e a taxa de maturidade foram significativamente diferentes entre os três grupos de gerações, para ambos os sexos, não sendo possível o uso de um único modelo que descreva o crescimento nos três grupos de gerações. Assim, conclui-se que houve mudança na curva de crescimento dos animais ao longo das gerações.

Palavras chaves: comparação de modelos, *Coturnix coturnix*, modelo de Gompertz, peso corporal, Spline

CHAPTER 1

Identity of nonlinear models to compare growth curves of quail meat type

1.2. ABSTRACT

The aim of this study was to identify the change in the growth of animals over selection generations, by the test of identity models. A dataset of 15 generations of quails, from two lines in selection for weight at 28 days, were separated into three selection periods, initial (G1), intermediate (G2) and final (G3), each with five generations. The used data contained five body weight records, where animals besides birth weight, were individually weighed at 7, 14, 21, and 28 days of life. Were used von Bertalanffy, Brody, Gompertz, Logistic, Richards nonlinear models and segmented linear regression (spline) with a knot at 14 days. Among the tested models, the Gompertz model was the most appropriate to describe the growth curve of quails, for both sexes, in the three generation groups and in both strains. Likelihood ratio tests indicated that the adult weight and maturing rate were significantly different between the three groups of ages, for both sexes, it is not possible to use a single model that describes the growth in the three groups of generations. Thus, it is concluded that there was a change in the animals growth curve over the generations.

Key words: body weight, comparison of models, *Coturnix coturnix*, Gompertz, Spline

1.3. INTRODUÇÃO

O conhecimento da curva de crescimento animal, possibilita a adoção de práticas de manejo que otimizem a produção de carne, priorizando as necessidades nutricionais de cada fase de crescimento. Também podem ser empregadas para prever a idade ótima ao abate, em função da taxa máxima de crescimento (BRACCINI NETO, 1993) e para fins de melhoramento genético, para seleção de animais geneticamente superiores em relação a forma da curva de crescimento.

De acordo com FREITAS (2005), entre as várias aplicações das curvas de crescimento na produção animal, destacam-se: resumir, em poucos parâmetros, as características de crescimento da população, uma vez que alguns parâmetros dos modelos não lineares utilizados possuem interpretação biológica e identificar em uma população, os animais mais pesados e os mais precoces, além de dar suporte ao processo de seleção, bem como acompanhar o progresso genético. Além disso, é possível comparar animais, considerando-se efeitos não controlados em grupos de manejo como, por exemplo, o sexo e geração.

Devido às diferenças entre os modelos de regressão não linear, quando estes são ajustados a um mesmo conjunto de dados, torna-se necessário utilizar metodologias estatísticas com o intuito de compará-los e indicar o melhor modelo (SILVEIRA *et al.*, 2009). Tais técnicas são denominadas de avaliadores da qualidade de ajuste. Na literatura, a maioria dos trabalhos envolvendo comparação de modelos de crescimento utiliza apenas o coeficiente de determinação (R^2) e o desvio padrão residual como avaliadores da qualidade de ajuste. Tal procedimento pode ser explicado pelo fato destes avaliadores serem apresentados diretamente nos arquivos de

saídas de softwares estatísticos, como SAS e R (SILVEIRA *et al.*, 2009). De acordo com SILVEIRA *et al.* (2009) se outros importantes avaliadores como o critério de informação de Akaikeou AIC (AKAIKE, 1974), critério de informação bayesiano ou BIC (SCHWARZ, 1978), erro quadrático médio de predição, coeficiente de determinação predito e percentual de convergência também forem considerados, a indicação do melhor modelo pode ser mais precisa, uma vez que estes avaliadores levam em consideração outros fatores como a análise da independência residual e o grau de parametrização dos modelos comparados.

A curva de crescimento da população pode ser alterada por meio da seleção para peso em idades específicas. A seleção para elevado peso corporal realizada em uma idade juvenil causa um aumento nos pesos ao longo do crescimento, especialmente na idade adulta. Além disso, tem sido relatado que ela ajuda a reduzir a idade no ponto de inflexão (MARKS, 1978; ANTHONY *et al.*, 1991). Animais mais pesados são aqueles que atingem o ponto de inflexão mais cedo (MIGNON-GRASTEAU & BEAUMONT, 2000).

Uma das formas de analisar se as variáveis (ou parâmetros), segundo REGAZZI & SILVA (2010), entre duas ou mais equações da análise de regressão possam ser idênticos, ou seja, se há uma relação entre as variáveis em estudo, de forma que permitem ser representadas por uma única equação, é através do estudo de identidade de modelos. Alguns autores apresentaram métodos capazes de testar hipóteses relativas a este tipo de estudo como GRAYBILL (1976), NETER *et al.* (1996) e REGAZZI (1993, 1999). Para modelos de regressão não linear, BATES & WATTS (1988) apresentaram um teste assintótico baseado na razão de verossimilhança conforme RAO (1973), similar aos testes usados para modelos lineares, com aproximação pela

estatística F. REGAZZI (2003) demonstrou a aplicação deste teste com aproximação pela estatística qui-quadrado considerando a situação de somente um valor observado de Y para cada um de X. REGAZZI & SILVA (2004) utilizaram o teste da razão de verossimilhança com aproximações pelas estatísticas qui-quadrado e F para testar a hipótese de igualdade de qualquer subconjunto de parâmetros e, também, a identidade de modelos de regressão não-linear para dados com repetições de experimento com delineamento inteiramente casualizado. Os autores perceberam que, para amostras suficientemente grande ($N > 120$), as duas aproximações são praticamente equivalentes. Para amostras menores, a aproximação pela estatística F deve ser preferida, principalmente por controlar mais a taxa de erro tipo I, independentemente do valor de N.

O objetivo do presente estudo foi comparar a mudança na curva de crescimento de duas linhagens de codornas de corte, composta por 15 gerações de seleção dividida em três grupos, utilizando modelos de regressão não linear, com o uso do teste de identidade de modelos.

1.4. MATERIAL E MÉTODOS

1.4.1. Origem dos dados

Os dados utilizados neste trabalho são originados de duas linhagens de codornas de corte (*Coturnixcoturnix*) pertencente ao Programa de Melhoramento de Aves do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa.

Em cada geração, as aves foram alojadas em boxes de piso de concreto forrado com cama de maravalha, composto de um círculo de proteção e aquecimento através de campânulas elétricas. Desde a primeira fase até o

42º dia de vida, foi fornecida uma dieta com 26% de proteína bruta e 2.950 kcal de energia metabolizável por kg, sendo que água e ração foram fornecidos à vontade. Até o 21º dia de idade, foram utilizados programas de iluminação de 24 horas. De 21 a 28 dias de idade, a iluminação natural foi adotada. Além do peso ao nascimento, os animais foram pesados individualmente com 7, 14, 21, e 28 dias de vida.

A população fundadora continha 227 animais (144 fêmeas e 83 machos) da linhagem UFV1 e 185 animais da linhagem UFV2 (119 fêmeas e 66 machos). A partir dos fundadores, foi originada a primeira geração usando a proporção de um macho para duas fêmeas, alojados em gaiolas individuais, acasalados aleatoriamente. Para a próxima geração, foram selecionados 102 machos e 204 fêmeas nas duas linhagens, baseado no maior peso corporal aos 28 dias de idade. A reprodução dos animais foi igualmente repetida, até completar 15 gerações, resultando em uma matriz de parentesco com 18.766 e 18.456 animais, de ambos os sexos, das linhagens UFV1 e UFV2, respectivamente. Para esse trabalho, foram utilizados apenas animais que possuíam os cinco registros de peso que, depois de eliminados os animais com dados faltantes, resultaram em 5.607 machos e 6.068 fêmeas da linhagem UFV1 e 5.261 machos e 5.569 fêmeas da linhagem UFV2.

1.4.2. Análises estatísticas

O conjunto de dados, que inicialmente continha 15 gerações, foi dividido em três grupos, com cinco gerações cada, sendo que o grupo 1 (G1) continha as gerações de 1 a 5, o grupo 2 (G2), contendo as gerações de 6 a 10 e o grupo 3 (G3), com gerações de 11 a 15. A partir dessa etapa, o objetivo foi identificar qual o melhor modelo não linear capaz de descrever a curva de

crescimento dos animais em cada linhagem e que seja comum aos três grupo, comparando-se os modelos de von Bertalanffy, Brody, Gompertz, Logístico, Richards e regressão segmentada com um nó, descritos na tabela 1.

O parâmetro A é uma estimativa do peso assintótico, quando esse é atingido ou uma estimativa do peso às últimas pesagens; o parâmetro b não possui interpretação biológica, porém é importante para modelar a curva sigmoideal do nascimento até a idade adulta; o parâmetro k , também denominada índice de maturidade é a razão da taxa de crescimento máxima em relação ao tamanho adulto; o parâmetro m que dá forma à curva está presente em alguns modelos como o modelo de Richards e por fim, e é o erro aleatório.

Para o modelo não linear usando a regressão segmentada ou spline, foi utilizado o modelo não linear proposto por KAPS & LAMBERSON (2004):

$$\begin{cases} y_i = w_0 + b_1 t, & t \leq 14 \\ y_i = w_0 + b_1 t + b_2 (t - t_1), & t > 14 \end{cases}$$

em que y_i é o valor observado à idade t ; w_0 é o ponto de interseção (peso ao nascimento), t_1, \dots, t_n são os chamados nós (idade em que ocorrem as alterações na taxa de crescimento), b_1, \dots, b_n são as taxas de crescimento médio nos períodos especificados, que constituem toda a spline e e_i é o erro aleatório. Para esse estudo, utilizou-se um nó aos 14 dias de vida da ave, devido a essa idade ser próxima do ponto de inflexão da curva de crescimento dos animais.

Para a obtenção das estimativas dos parâmetros de cada modelo não linear, avaliadores da qualidade de ajuste e teste de identidade de modelos, utilizou-se o método Marquardt cujas soluções foram obtidas por meio do processo iterativo de Gauss-Newton, com o uso do procedimento PROC

Tabela 1 - Modelos de regressão não linear para descrever curvas de crescimento.

Modelo não linear	Modelo de curva de crescimento	Referência
von Bertalanffy	$y_i = A(1 - b \exp^{-kt})^3 + e_i$	VON BERTALANFFY (1957)
Brody	$y_i = A(1 - b \exp^{-kt}) + e_i$	BRODY (1945)
Gompertz	$y_i = A \exp^{-\exp(b-kt)} + e_i$	GOMPERTZ & PHILOS (1825)
Logístico	$y_i = \frac{A}{(1 + \exp^{(b-kt)})} + e_i$	RATKOWSKI (1983)
Richards	$y_i = \frac{A}{(1 + \exp^{(b-kt)})^{\frac{1}{m}}} + e_i$	RICHARDS (1959)

y_i é o valor observado, A é o peso assintótico, b é a constante de integração, k é o índice de maturidade, t_i é o tempo dado em dias, m é o parâmetro que dá forma à curva, e_i é o erro aleatório.

Para verificar se houve mudança na curva de crescimento dos animais ao longo das gerações de seleção, o teste da razão de verossimilhança foi aplicado com o intuito de comparar o modelo completo com o modelo reduzido. O modelo completo permite o ajuste de uma equação para cada grupo, enquanto no modelo reduzido, o ajuste acontece em uma equação comum para todos os grupos ou equações com subconjuntos de parâmetros comuns entre os grupos. Para tanto, foi utilizada a metodologia apresentada por REGAZZI (2010) para teste de identidade de modelos de regressão não linear e de igualdade de qualquer subconjunto de parâmetros, através do teste da razão de verossimilhança com aproximação pela estatística qui-quadrado, ao nível de 5% de significância. Assim, foram criadas variáveis indicadoras (*dummy*), com o intuito de representar os grupos de gerações, usando dados

binários, sendo $D_j=1$, quando o animal pertencer ao grupo j e $D_j=0$, quando o animal não pertencer ao grupo j .

O teste de identidade de modelos se baseia na estatística qui-quadrado (χ^2) computada a partir dos valores máximos da função de verossimilhança para modelos reduzidos ($L\omega$) e completo ($L\Omega$), dada por:

$$\chi^2 = -2\ln(L\omega / L\Omega) = (-2\ln L\omega) - (-2\ln L\Omega)$$

sendo aplicado o teste de qui-quadrado, ao nível de 5% de significância, com graus de liberdade dado pela diferença entre o número de parâmetros dos modelos completo e reduzido.

1.4.3. Avaliadores da qualidade de ajuste

Os avaliadores da qualidade de ajuste utilizados neste estudo são apresentados resumidamente a seguir:

1.4.3.1 Porcentagem de convergência (C%)

A porcentagem de convergência é utilizada para verificar o quanto o modelo é capaz de se ajustar aos dados, ou seja, é possível observar qual modelo apresenta maior facilidade de convergência, que é dado pela porcentagem de ajustes que convergiram. (SILVEIRA, 2010). Modelos com maiores valores de porcentagem de convergência indicam serem capazes de se ajustados aos dados individualmente para cada animal.

1.4.3.2 Coeficiente de determinação (R²)

O coeficiente de determinação ou R² representa a proporção da variação total de uma variável observada y , que é explicada pela variação de outra variável estimada \hat{y} , ou seja:

$$R^2 = (r_{y,\hat{y}})^2$$

A interpretação para esse avaliador da qualidade de ajuste é tal que, quanto maior o valor de R^2 , maior é a correlação do valor estimado com o valor observado.

1.4.3.3 Coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj})

É usado para comparar a qualidade do ajuste de modelos utilizando o coeficiente de determinação R^2 com diferentes números de parâmetros e/ou diferentes números de observações (n). Sua fórmula é dada por:

$$R^2_{aj} = R^2 - \left(\frac{p-1}{n-p} \right) (1-R^2)$$

em que p é o número de parâmetros na função, incluindo o intercepto. Assim como o R^2 , modelos que possuem maiores valores para R^2_{aj} indicam que um melhor ajustamento do mesmo aos dados.

1.4.3.4 Erro quadrático médio de predição (MEP)

Um dos critérios mais eficientes para testar a qualidade de um modelo de regressão é o erro quadrático médio de predição (CHROBOK et al., 2004), sendo dado por:

$$MEP = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{n}$$

em que n é o número de observações, \hat{y}_i representa os valores estimados considerando valores dos parâmetros proveniente de um ajuste sem a presença da observação i . Para esse avaliador, menores valores de MEP indicam melhores ajustes pelo modelo aos dados.

1.4.3.5 Critério de informação de Akaike (AIC)

O critério de informação de Akaike ou AIC permite utilizar o princípio da parcimônia na escolha do melhor modelo, ou seja, de acordo com este critério nem sempre o modelo mais parametrizado é melhor (BURNHAM e ANDERSON, 2004). Menores valores de AIC refletem um melhor ajuste (AKAIKE, 1974). Sua expressão é dada por:

$$AIC = -2\log\text{like} + 2p$$

em que p é o número de parâmetros e $\log\text{like}$ o valor do logaritmo da função de verossimilhança considerando as estimativas dos parâmetros.

1.4.3.6 Critério bayesiano de Schwarz (BIC)

Esse avaliador segue o mesmo princípio do AIC, ou seja, penaliza modelos com maior grau de parametrização, e da mesma forma, quanto menor for o valor de BIC (SCHWARZ, 1978), melhor será o ajuste do modelo. Sua expressão é dada por:

$$BIC = -2\log\text{like} + p \ln(n)$$

em que n é o número de observações utilizadas para ajustar a curva.

1.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados para cada avaliador da qualidade de ajuste, considerando todos os modelos não lineares ajustados para linhagem UFV1 podem ser observados na tabela 2 e para a linhagem UFV2, na tabela 3.

Tabela 2 –Valores médios dos avaliadores da qualidade de ajuste para diferentes fases de seleção (G1, G2 e G3), para fêmeas e machos da linhagem UFV1.

Fases	Modelo	R ² (%)	R _{aj} ² (%)	MEP	C%	AIC	BIC
G1 fêmea	Spline	99,80	99,60	20,54	95,68	25,38	23,82
	Gompertz	99,81	99,61	19,42	99,73	25,19	24,02
	Brody	96,22	92,43	13,74	1,260	44,72	43,55
	von Bertalanffy	99,81	99,63	18,81	97,76	27,98	26,81
	Richards	99,83	99,65	16,77	52,14	17,57	16,01
	Logístico	99,80	99,61	19,54	99,84	29,85	28,68
G2 fêmea	Spline	99,89	99,78	15,67	95,25	26,04	24,48
	Gompertz	99,90	99,79	14,94	99,39	23,32	22,15
	Brody	98,16	96,32	220,0	1,120	44,50	43,32
	von Bertalanffy	99,90	99,81	13,89	97,99	25,19	24,02
	Richards	99,90	99,80	14,02	33,56	18,34	16,78
	Logístico	99,90	99,79	14,97	99,44	33,03	31,86
G3 fêmea	Spline	99,45	98,32	160,0	97,45	31,55	29,99
	Gompertz	99,82	99,63	32,72	99,65	26,51	25,33
	Brody	95,41	91,78	752,5	4,110	43,70	42,52
	von Bertalanffy	99,77	99,54	41,36	98,78	28,19	27,02
	Richards	97,54	93,13	752,1	47,86	24,09	22,53
	Logístico	99,68	99,36	62,85	99,71	33,50	32,33
G1 macho	Spline	99,84	99,68	16,27	94,82	25,08	23,52
	Gompertz	99,84	99,67	16,47	99,52	23,28	22,11
	Brody	97,70	95,64	194,0	1,200	44,37	43,19
	von Bertalanffy	99,84	99,69	15,96	97,87	27,39	26,22
	Richards	99,86	99,71	14,78	49,08	17,29	15,73
	Logístico	99,83	99,67	16,64	99,76	29,70	28,53
G2 macho	Spline	99,88	99,76	18,23	94,44	25,36	23,80
	Gompertz	99,89	99,78	16,11	99,11	23,28	22,11
	Brody	99,05	98,10	97,79	0,970	41,94	40,77
	von Bertalanffy	99,90	99,79	15,25	98,07	24,74	23,57
	Richards	99,86	99,72	21,28	34,00	19,33	17,77
	Logístico	99,89	99,78	16,30	99,36	33,11	31,93
G3 macho	Spline	99,53	98,66	134,1	97,01	31,16	29,60
	Gompertz	99,88	99,75	23,26	99,63	25,61	24,44
	Brody	97,54	95,08	487,5	2,610	42,39	41,22
	von Bertalanffy	99,84	99,68	31,11	98,88	27,23	26,06
	Richards	97,53	93,10	662,7	44,24	23,26	21,69
	Logístico	99,74	99,48	50,44	99,68	33,28	32,11

R²= coeficiente de determinação; R_{aj}² = coeficiente de determinação ajustado; MEP = erro quadrático médio de predição; C% = porcentagem de convergência; AIC = critério de informação de Akaike; BIC =critério bayesiano de Schwarz; G1= gerações iniciais, G2 = gerações intermediária, G3=gerações finais.

Tabela 3 – Valores médios dos avaliadores da qualidade de ajuste para diferentes fases de seleção (G1, G2 e G3), para fêmeas e machos da linhagem UFV2.

Fases	Modelo	R ² (%)	R _{aj} ² (%)	MEP	C%	AIC	BIC
G1 fêmea	Spline	99,68	99,07	22,08	97,57	24,19	22,62
	Gompertz	99,82	99,64	19,60	100,0	24,38	23,21
	Brody	93,65	87,82	589,9	1,230	43,90	42,73
	von Bertalanffy	99,73	99,45	31,52	100,0	27,57	26,40
	Richards	98,91	96,80	187,9	52,06	16,66	15,10
	Logístico	99,71	99,43	33,69	99,81	29,82	28,65
G2 fêmea	Spline	99,62	98,91	77,78	94,97	28,07	26,51
	Gompertz	99,89	99,78	17,33	99,72	23,97	22,80
	Brody	96,78	93,55	437,0	1,650	42,55	41,38
	von Bertalanffy	99,84	99,69	24,92	100,0	26,52	25,35
	Richards	98,96	97,14	222,7	39,83	18,94	17,38
	Logístico	99,73	99,45	46,14	99,86	32,87	31,70
G3 fêmea	Spline	99,41	98,36	192,4	98,20	33,06	31,49
	Gompertz	99,85	99,72	34,73	99,58	26,16	24,98
	Brody	99,06	98,12	194,8	0,420	42,22	41,05
	von Bertalanffy	99,80	99,60	50,97	98,75	29,26	28,09
	Richards	98,44	95,89	470,0	55,34	22,78	21,22
	Logístico	99,75	99,52	58,04	99,72	33,01	31,84
G1 macho	Spline	99,71	99,25	18,66	96,70	24,12	22,56
	Gompertz	99,83	99,67	15,93	99,48	24,01	22,84
	Brody	98,65	97,30	106,5	0,920	41,75	40,57
	von Bertalanffy	99,84	99,69	15,30	97,47	27,06	25,89
	Richards	99,89	99,77	11,95	49,66	16,90	15,34
	Logístico	99,84	99,67	15,73	99,80	29,95	28,78
G2 macho	Spline	99,62	98,95	83,68	95,12	28,18	26,62
	Gompertz	99,91	99,81	14,30	99,56	22,99	21,82
	Brody	97,95	96,34	291,2	1,700	40,63	39,46
	von Bertalanffy	99,88	99,77	17,39	98,37	25,64	24,47
	Richards	98,12	94,91	398,8	42,01	18,49	16,93
	Logístico	99,73	99,46	42,52	99,78	32,54	31,36
G3 macho	Spline	99,46	98,46	162,1	97,05	33,04	31,47
	Gompertz	99,89	99,77	22,87	99,86	25,97	24,80
	Brody	97,66	95,58	448,3	56,00	43,42	42,25
	von Bertalanffy	99,84	99,69	31,57	98,80	28,54	27,37
	Richards	98,69	96,60	371,9	52,39	23,19	21,63
	Logístico	99,78	99,56	46,26	99,93	32,91	31,74

R² = coeficiente de determinação; R_{aj}² = coeficiente de determinação ajustado; MEP = erro quadrático médio de predição; C% = porcentagem de convergência; AIC = critério de informação de Akaike; BIC = critério bayesiano de Schwarz; G1= gerações iniciais; G2 = gerações intermediária, G3=gerações finais.

Considerando a linhagem UFV1, e apenas as fêmeas, no primeiro

grupo (G1), os modelos de Brody e Richards tiveram os piores desempenhos quanto à convergência, dados os baixos valores encontrados para este avaliador. É desejável que um modelo possua altos valores de percentagem de convergência, uma vez que esse avaliador determina o quanto um modelo é capaz de ajustar aos dados para descrever a curva de crescimento dos animais. Devido a esse baixo desempenho, esses modelos foram eliminados. Os modelos de Gompertze von Bertalanffy obtiveram os maiores valores de R^2 e R^2_{aj} e menores valores de MEP, AIC e BIC. Para o grupo de gerações intermediárias (G2) e finais (G3), ainda considerando apenas as fêmeas, os modelos de von Bertalanffy e Gompertz também foram os que obtiveram os melhores desempenhos em todos os avaliadores utilizados nesse estudo, além de obter percentagem de convergência próximo de 100%.

Ao considerarmos apenas os machos, os modelos de Richards e Brody apresentaram valores de convergências muito baixos. Devido a essa baixa convergência, esses modelos não são indicados para descrever a curva de crescimento das aves da linhagem UFV1. Os modelos de Gompertz, e von Bertalanffy acompanharam a tendência obtida para as fêmeas, obtendo os maiores valores de R^2 e R^2_{aj} , menores valores de MEP, AIC e BIC e percentagens de convergência próximas de 100% dos animais nas três fases de seleção.

Para a linhagem UFV2, considerando apenas as fêmeas, ao longo das gerações (G1, G2 e G3), os modelos de Gompertz, von Bertalanffy e Richards, obtiveram as maiores estimativas de R^2 e R^2_{aj} , menores valores de MEP (Gompertz e von Bertalanffy), menores valores de AIC e BIC (Richards, splines e Gompertz), além de altos valores de percentagem de convergência. Novamente, os modelos de Brody e Richards foram os modelos com menores

valores de percentagem de convergência, sendo eliminados também para as fêmeas da linhagem UFV2.

Para os machos, considerando os três grupos de gerações, os modelos de Gompertz, von Bertalanffy e Richards obtiveram os melhores desempenhos quanto as estimativas de R^2 , R^2_{aj} , BIC e AIC. Os modelos de Brody e Richards apresentaram valores baixos de percentagem de convergência e altos valores de MEP, ao contrário dos demais modelos testados, não sendo indicados também para descrever a curva de crescimento de codornas de corte.

Na literatura, o modelo de Gompertz aparece como o mais adequado para ajustar a curva de crescimento de codornas de corte (DRUMOND *et al.*, 2013), codornas japonesas (BALCIOĞLU *et al.*, 2005; KIZILKAYA *et al.*, 2006; NARINK *et al.*, 2010), frangos de corte (AGGREY, 2002; FREITAS, 2005) e perus (SEGÜL & KIRAZ, 2005). Entretanto, outros modelos também apresentaram desempenhos satisfatórios para ajuste de curvas de crescimento em codornas como o modelo de Richards (BEIKI *et al.*, 2013; SEZER & TARHAN, 2005) e Logístico (KARAMAN *et al.*, 2013). Nesse estudo, tanto os modelos de Gompertz, quanto Richards tiveram bons desempenhos, sem considerar a porcentagem de convergência. De modo geral, é possível afirmar que o modelo de Richards obteve os menores valores de AIC e BIC em todos os grupos estudados, para ambos os sexos e linhagens. O BIC penaliza modelos com maior número de parâmetros e mesmo assim o Richards foi superior ao Gompertz. Entretanto, a presença de um parâmetro a mais no modelo de Richards, não foi suficiente em superar a porcentagem de convergência do modelo de Gompertz, apresentando baixos valores quando consideramos esse avaliador da qualidade de ajuste. Além disso, os valores de MEP para o modelo de Gompertz foram os menores encontrados. Os

modelos de von Bertalanffy e Logístico obtiveram bons resultados, sendo que von Bertalanffy, em alguns casos alternou ora como segundo, ora como terceiro melhor desempenho. Esses modelos são bastante utilizados para a modelagem de curva de crescimento em aves, lembrando que o modelo de von Bertalanffy foi o primeiro a ser utilizado para estudos metabólicos (RICHARDS, 1959).

O modelo de Brody não apresentou desempenho satisfatório, sendo esse modelo não indicado para modelagem de curvas de crescimento em codornas de corte. Na literatura, as curvas do modelo de Brody são pouco utilizadas para dados que envolvem curva de crescimento em aves, ficando mais restrito aos dados de crescimento em suínos e bovinos.

O modelo que utilizou Spline com um nó não foi o mais parcimonioso em descrever a curva de crescimento de codornas de corte. O modelo foi penalizado por usar um parâmetro a mais ao considerar o BIC, assim como o Richards. Todavia, por se tratar de uma função composta, a partir de uma série de modelos lineares, é possível ser utilizado para compartimentar o crescimento em segmentos e também substituir como uma alternativa aos modelos assintóticos quando os dados são truncados antes da assíntota ser atingida (AGGREY, 2002). Com relação aos valores de R^2 e R^2_{aj} , praticamente todos os modelos apresentaram valores altos e acima de 91%. THOLON *et al.* (2003) afirmaram que os melhores modelos que ajustaram às curvas de crescimento de perdizes foram o de Gompertz e von Bertalanffy. Entretanto, esses autores afirmaram que o acúmulo de gordura abdominal em idade madura, possivelmente, foi a causa da falta de ajuste. Durante a fase final de crescimento, o desenvolvimento dos órgãos sexuais e o crescimento, particularmente nas fêmeas, resultaram em diferenças na função de

crescimento adequado (THOLON & QUEIROZ, 2007). Assim, funções splines foram usadas na segmentação das fases em diferentes partes do desenvolvimento ponderal dos animais.

Neste estudo, o modelo de Gompertz foi considerado o melhor modelo não linear para descrever a curva de crescimento dos animais devido aos desempenhos apresentados em todos os grupos, linhagens e sexo. Embora o modelo de Richards tenha apresentado resultados satisfatórios, a percentagem de convergência foi baixa em todos os estudos analisados, fazendo com que esse modelo seja descartado.

A partir do melhor modelo identificado, foi possível fazer a análise de identidade de modelos para verificar a possibilidade do uso de um único modelo para os três grupos ou se houve mudança na curva de crescimento dos animais ao longo das gerações de seleção, necessitando de uma equação ajustada para cada grupo. Os resultados das estimativas de parâmetros, somas de quadrados e graus de liberdade, obtidos em cada modelo analisado, para a linhagem UFV1 estão na tabela 4. As estimativas obtidas quando se utilizou hipótese de igualdade de pelo menos um dos parâmetros, ou igualdade de todos os parâmetros foi diferente das observadas quando não foi feita nenhuma restrição no espaço paramétrico, ressaltando a diferença nas suas estimativas para cada grupo, tanto nas fêmeas, quanto nos machos.

Na tabela 5 estão os resultados dos testes de razão de verossimilhança para cada hipótese de igualdade de parâmetros entre os grupos de gerações. Para as fêmeas e machos, os parâmetros A, b e k foram significativamente diferentes ($P < 0,0001$) entre os três grupos estudados, identificando diferenças no peso assintótico, parâmetro b e na taxa de maturidade ao longo das gerações.

Tabela 4 – Estimativas dos parâmetros do modelo completo sem restrições (Ω) e modelos com igualdade em um parâmetro (A: ω_1 , b: ω_2 , k: ω_3) e com igualdade em todos os parâmetros (ω_4) e respectivas somas de quadrados do resíduo da regressão (SQRR) e número de graus de liberdade do resíduo da regressão (GLRR) para fêmeas e machos da linhagem UFV1.

Estimativas de parâmetros dos modelos– Fêmeas UFV1					
Parâmetros	Ω	ω_1	ω_2	ω_3	ω_4
A ₁	345,46	-	350,87	328,64	-
b ₁	1,3701	1,3564	-	1,3852	-
k ₁	0,0703	0,0638	0,0688	-	-
A ₂	386,42	-	383,44	383,18	-
b ₂	1,3492	1,3504	-	1,3519	-
k ₂	0,0734	0,0738	0,0742	-	-
A ₃	398,81	-	394,59	415,61	-
b ₃	1,3453	1,3571	-	1,3302	-
k ₃	0,0776	0,0808	0,0789	-	-
A	-	384,38	-	-	370,81
b	-	-	1,3562	-	1,3549
k	-	-	-	0,0740	0,0736
SQRR	7.515.731	7.538.040	7.520.041	7.526.815	14.720.184
GLRR	29.065	29.067	29.067	29.067	29.071
Estimativas de parâmetros dos modelos – Machos UFV1					
Parâmetros	Ω	ω_1	ω_2	ω_3	ω_4
A ₁	327,73	-	332,69	312,20	-
b ₁	1,3566	1,3421	-	1,3716	-
k ₁	0,0709	0,0639	0,0693	-	-
A ₂	365,42	-	362,10	364,06	-
b ₂	1,3339	1,3329	-	1,3351	-
k ₂	0,0743	0,0740	0,0753	-	-
A ₃	382,04	-	378,51	395,12	-
b ₃	1,3329	1,3455	-	1,3205	-
k ₃	0,0776	0,0811	0,0787	-	-
A	-	367,02	-	-	353,10
b	-	-	1,3425	-	1,3417
k	-	-	-	0,0746	0,0742
SQRR	6.570.780	6.595.447	6.574.748	6.579.570	13.336.927
GLRR	28.016	28.018	28.018	28.018	28.022

A_i, b_i, e k_i são os parâmetros do modelo de Gompertz sendo i=1 para grupo 1, i=2 para grupo 2, i=3 para grupo 3 e A, b e k são parâmetros únicos para ambos os grupos.

De modo análogo, os resultados das estimativas de parâmetros, somas de quadrados e graus de liberdade para os modelos estudados na linhagem UFV2 podem ser observados na tabela 6. Novamente, as estimativas dos parâmetros foram diferentes das observados quando não foi feita nenhuma restrição no espaço paramétrico, resultando em diferenças nas estimativas em

cada grupo e em cada sexo.

Tabela 5 – Hipóteses avaliadas para igualdade de parâmetros entre três grupos de gerações, valores da estatística do teste da razão de verossimilhança (χ^2), número de graus de liberdade e nível descritivo do teste (valor P) para fêmeas e machos da linhagem UFV1.

Hipóteses	Fêmeas UFV1		
	χ^2	GL	Valor P
$H_0^{(1)} : A_1=A_2=A_3=A$	86,17	2	< 0,0001
$H_0^{(2)} : b_1=b_2=b_3=b$	16,67	2	< 0,0001
$H_0^{(3)} : k_1=k_2=k_3=k$	42,85	2	< 0,0001
$H_0^{(4)} : A_1=A_2= A_3=A;$ $b_1=b_2= b_3=b; k_1=k_2= k_3=k$	19.544,16	6	< 0,0001
Hipóteses	Machos UFV1		
	χ^2	GL	Valor P
$H_0^{(1)} : A_1=A_2=A_3=A$	105,01	2	< 0,0001
$H_0^{(2)} : b_1=b_2=b_3=b$	16,92	2	< 0,0001
$H_0^{(3)} : k_1=k_2=k_3=k$	37,46	2	< 0,0001
$H_0^{(4)} : A_1=A_2= A_3=A;$ $b_1=b_2= b_3=b; k_1=k_2= k_3=k$	19.839,01	6	< 0,0001

A_i , b_i , e k_i são os parâmetros do modelo de Gompertz sendo $i=1$ para grupo 1, $i=2$ para grupo 2, $i=3$ para grupo 3 e A , b e k são parâmetros únicos para ambos os grupos.

A partir das hipóteses avaliadas para igualdade de parâmetros entre três grupos de gerações (tabela 7) pode-se perceber que os valores da estatística do teste para razão de verossimilhança, para os parâmetros A e k foram significativamente diferentes ($P < 0,0001$), identificando diferenças no peso assintótico e na taxa de maturidade ao longo das gerações. O parâmetro B não apresentou diferença significativa entre os grupos analisados ($P = 0,0035$ para fêmeas e $P = 0,0189$ para machos) sendo semelhante aos

resultados obtidos por MIGNON-GRASTEAU *et al.* (1998).

Tabela 6 – Estimativas dos parâmetros do modelo completo sem restrições (Ω) e modelos com igualdade em um parâmetro (A: ω_1 , b: ω_2 , k: ω_3) e com igualdade em todos os parâmetros (ω_4) e respectivas somas de quadrados do resíduo da regressão (SQRR) e número de graus de liberdade do resíduo da regressão (GLRR) para fêmeas e machos da linhagem UFV2.

Estimativas de parâmetros dos modelos – Fêmeas UFV2					
Parâmetros	Ω	ω_1	ω_2	ω_3	ω_4
A ₁	359,45	-	362,66	338,70	-
b ₁	1,3699	1,3595	-	1,3874	-
k ₁	0,0697	0,0648	0,0688	-	-
A ₂	374,24	-	368,94	378,97	-
b ₂	1,3491	1,3404	-	1,3448	-
k ₂	0,0751	0,0722	0,0767	-	-
A ₃	411,84	-	411,56	430,73	-
b ₃	1,3617	1,3818	-	1,3447	-
k ₃	0,0779	0,0830	0,0780	-	-
A	-	389,07	-	-	374,13
b	-	-	1,2623	-	1,3608
k	-	-	-	0,0741	0,0736
SQRR	7.440.352	7.464.452	7.442.626	7.454.652	14.047.040
GLRR	27.826	27.828	27.828	27.828	27.832
Estimativas de parâmetros dos modelos – Machos UFV2					
Parâmetros	Ω	ω_1	ω_2	ω_3	ω_4
A ₁	341,99	-	344,34	320,63	-
b ₁	1,3533	1,3430	-	1,3728	-
k ₁	0,0700	0,0651	0,0694	-	-
A ₂	353,47	-	349,40	359,96	-
b ₂	1,3358	1,3249	-	1,3292	-
k ₂	0,0765	0,0729	0,0779	-	-
A ₃	391,84	-	391,85	408,73	-
b ₃	1,3473	1,3679	-	1,3307	-
k ₃	0,0787	0,0840	0,0787	-	-
A	-	370,21	-	-	356,56
b	-	-	1,3473	-	1,3457
k	-	-	-	0,0750	0,0745
SQRR	6.671.417	6.695.531	6.672.814	6.686.174	12.721.578
GLRR	26.296	26.298	26.298	26.298	26.302

A_i, b_i, e k_i são os parâmetros do modelo de Gompertz sendo i=1 para grupo 1, i=2 para grupo 2, i=3 para grupo 3 e A, b e k são parâmetros únicos para ambos os grupos.

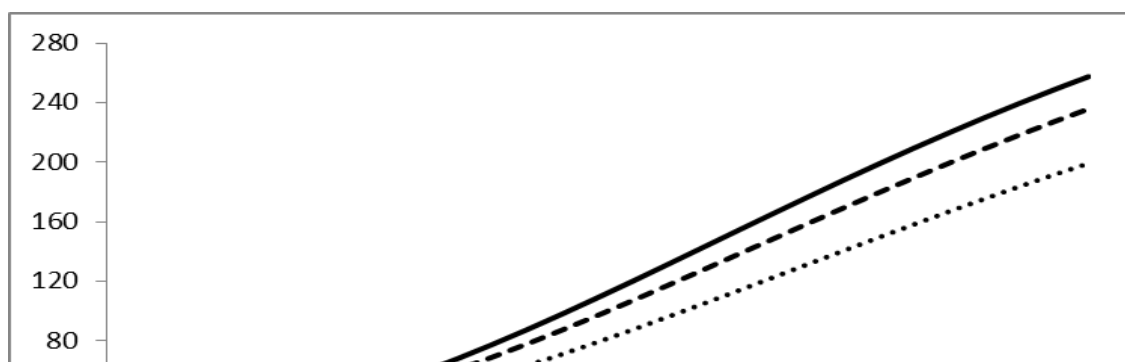
Tabela 7 – Hipóteses avaliadas para igualdade de parâmetros entre três grupos de gerações, valores da estatística do teste da razão de verossimilhança (χ^2), número de graus de liberdade e nível descritivo do teste (valor P) para fêmeas e machos da linhagem

UFV2.

Fêmeas UFV2				
Hipóteses	χ^2	GL	Valor P	
$H_0^{(1)} : A_1=A_2=A_3=A$	90,01	2	< 0,0001	
$H_0^{(2)} : b_1=b_2=b_3=b$	8,51	2	0,0035	
$H_0^{(3)} : k_1=k_2=k_3=k$	53,45	2	< 0,0001	
$H_0^{(4)} : A_1=A_2= A_3=A;$ $b_1=b_2= b_3=b; k_1=k_2= k_3=k$	17.688,96	6	< 0,0001	
Machos UFV2				
Hipóteses	χ^2	GL	Valor P	
$H_0^{(1)} : A_1=A_2=A_3=A$	94,91	2	< 0,0001	
$H_0^{(2)} : b_1=b_2=b_3=b$	5,51	2	0,0189	
$H_0^{(3)} : k_1=k_2=k_3=k$	58,12	2	< 0,0001	
$H_0^{(4)} : A_1=A_2= A_3=A;$ $b_1=b_2= b_3=b; k_1=k_2= k_3=k$	16.979,02	6	< 0,0001	

A_i , b_i , e k_i são os parâmetros do modelo de Gompertz sendo $i=1$ para grupo 1, $i=2$ para grupo 2, $i=3$ para grupo 3 e A , b e k são parâmetros únicos para ambos os grupos.

O parâmetro k está relacionado com a velocidade em atingir o peso assintótico. Assim, embora haja diferenças de pequena escala entre as estimativas de k_1 , k_2 e k_3 , é possível afirmar que o grupo três atinge o peso assintótico mais rápido que os grupos um e dois. Como de fato, ao plotar a curva de crescimento dos animais usando os parâmetros estimados pelo modelo (figuras 1 e 2), é possível perceber que o grupo três possui maior velocidade de crescimento que o primeiro e o segundo grupo ao atingir o peso assintótico.



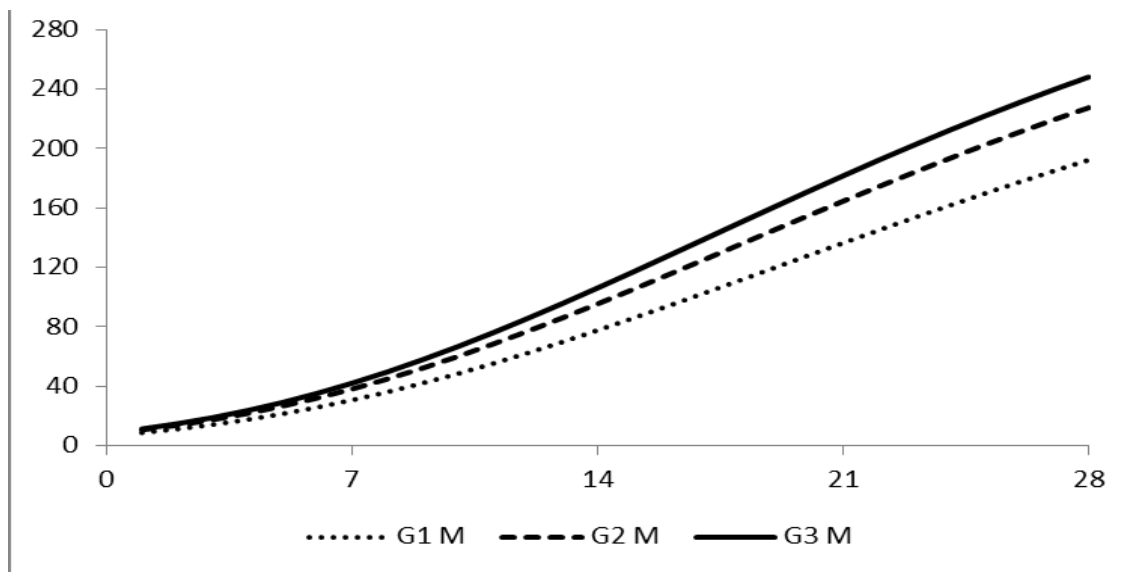


Figura 1 - Curvas de crescimento ajustadas pelo modelo de Gompertz em codornas de corte para a linhagem UFV1. G1F = fêmeas do grupo 1, G2F = fêmeas do grupo 2, G3F = fêmeas do grupo 3, G1M = machos do grupo 1, G2M = machos do grupo 2, G3M = machos do grupo 3.

De posse das estimativas dos parâmetros, é possível perceber também o dimorfismo sexual em codornas de corte. O peso assintótico de fêmeas, tanto na linhagem UFV1, quanto na linhagem UFV2, é maior que o peso assintótico dos machos. Em codorna, diferente da maioria das espécies de aves e mamíferos, as fêmeas são maiores que os machos. As razões para tal diferença pode estar ligado ao desenvolvimento do aparelho reprodutor da fêmea, que a partir dos 35 dias, inicia sua maturidade, aumentando o volume, e por consequência, aumentando o peso das fêmeas. Em outras aves, o mesmo não acontece, proporcionalmente, o ovo de codornas é maior em relação ao

peso da ave, quando comparado com as galinhas.

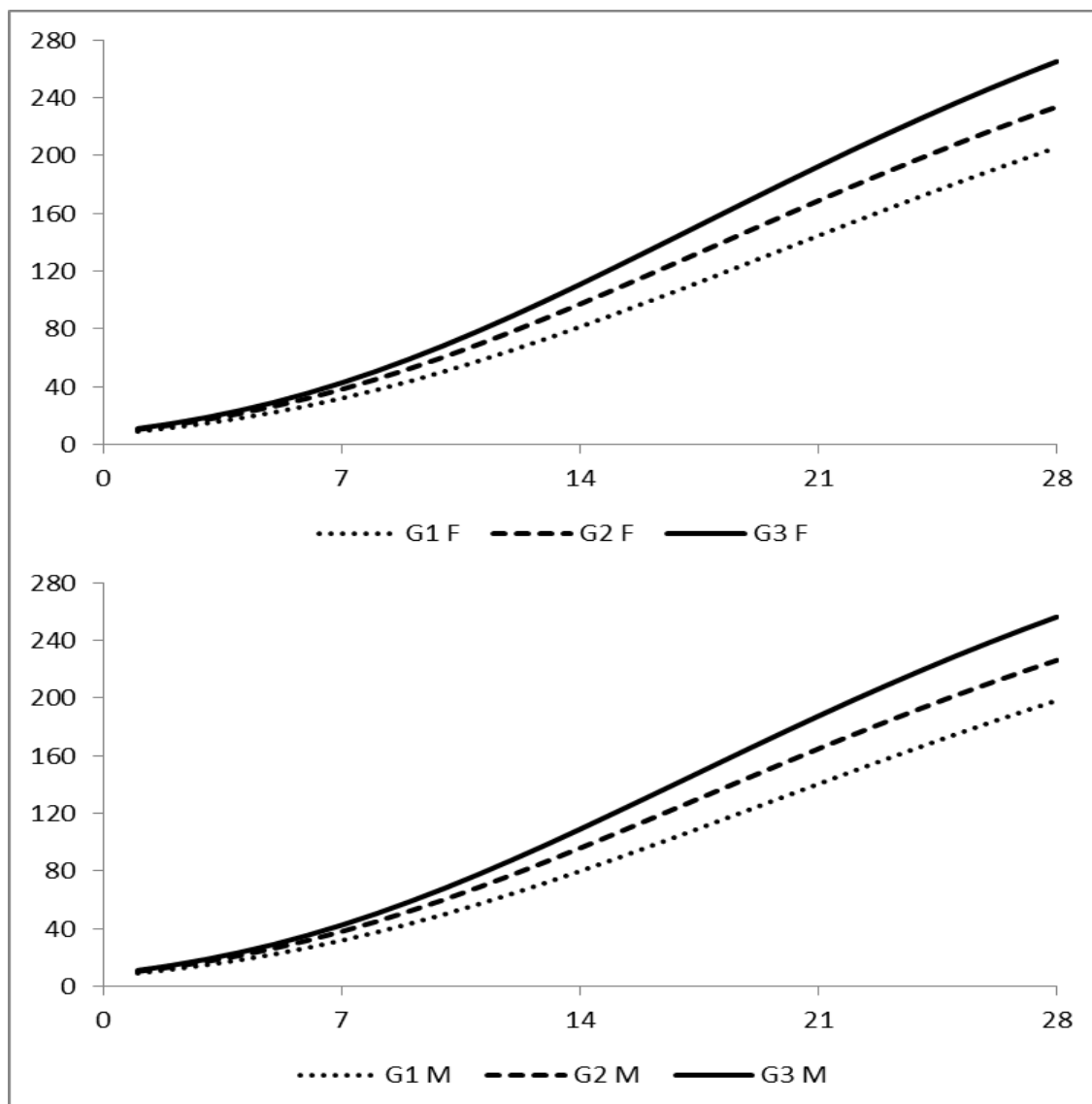


Figura 2 - Curvas de crescimento ajustadas pelo modelo de Gompertz em codornas de corte para a linhagem UFV2. G1F = fêmeas do grupo 1, G2F = fêmeas do grupo 2, G3F = fêmeas do grupo 3, G1M = machos do grupo 1, G2M = machos do grupo 2, G3M = machos do grupo 3.

De acordo com os dados analisados nesse estudo, fica evidente que a curva de crescimento é alterada à medida que novas gerações vão sendo obtidas com a seleção. Assim, não é possível utilizar uma curva única para todas as gerações tanto para fêmeas quanto para machos, nas duas linhagens. Em programas de melhoramento genético, ao utilizar conjuntos de dados para análise da curva de crescimento dos animais, aconselha-se o uso de informações das últimas gerações.

1.6. CONCLUSÕES

O teste de identidade de modelos demonstra que o peso assintótico e o índice de maturidade para os animais são diferentes nos três grupos, não sendo possível o uso de uma única equação para descrever o crescimento.

Assim, conclui-se que há mudança na curva de crescimento dos animais através do aumento do peso assintótico e do índice de maturidade ao longo das gerações de seleção, nas duas linhagens. Esses resultados sugerem utilizar apenas os dados das últimas gerações para avaliar a curva de crescimento dos animais, ao invés de toda a informação contida no conjunto de dados.

1.7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

- AGGREY, S.E.; Comparison of Three Nonlinear and Spline Regression Models for Describing Chicken Growth Curves. **Poultry Science**, v.81, p.1782–1788, 2002.
- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transaction on Automatic Control**, v.19, p.716-723, 1974.
- ANTHONY, N.B.; EMMERSON, D.A.; NESTOR, K.E. Research note: influence of body weight selection on the growth curve of turkeys. **Poultry Science**, v.70, p.192-194 1991.
- BALCIOĞLU, M.S.; KIZILKAYA, K.; YOLCU, H.İ.; KARABAĞ, K. Analysis of growth characteristics in short-term divergently selected Japanese quail. **South African Journal of Animal Science**, v.35, n.2, p.83-89, 2005.
- BATES, D. M.; WATTS, D. G. **Nonlinear regression analysis and its applications**. New York: John Wiley, 365p., 1988.
- BEIKI, H.; PAKDEL, A.; MORADI-SHAHRBABA, M.; MEHRBAN, H. Evaluation of Growth Functions on Japanese Quail Lines. **Journal Poultry Science**, v.50, p.20-27, 2013.
- BRACCINI NETO, J. **Estudo genético de curvas de crescimento de aves de postura**. 1993. 102f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas, RS.
- BRODY, S.; **Bioenergetics and Growth**. Rheinhold Publishing, New York. 1945.

- BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Multimodel Inference: Understanding AIC and BIC in Model Selection. **Sociological methods & research**, v.33, n.2, p.261-304, 2004.
- CHROBOK, V.; MELOUN, M.; SIMÁKOVÁ, E. Descriptive growth model of the height of stapes in the fetus: a histopathological study of the temporal bone. **European Archives of Oto-Rhino-Laryngology**, 261, p.25-29, 2004.
- DRUMOND, E.S.C.; GONÇALVES, F.M.; VELOSO, R.C.; AMARAL, J.M.; BALOTIN, L.V.; PIRES, A.V.; MOREIRA, J. Curvas de crescimento para codornas de corte. **Ciência Rural**, v.43, n.10, p.1872-1877, 2013.
- FREITAS, A. R.; Curvas de Crescimento na Produção Animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005.
- GRAYBILL, F.A.; **Theory and application of the linear model**. Belmont, Duxbury Press. 704p., 1976.
- GOMPertz, B.; PHILos, T.; On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies, **Royal Society London**, v.115, p.513–585, 1825.
- KAPS, M.; LAMBERSON, W.R.; **Biostatistics for animal science**. 1.ed. London: British Library, 2004. 445p.
- KARAMAN, E.; NARINC, D.; FIRAT, M.Z.; AKSOY, T.; Nonlinear mixed effects modeling of growth in Japanese quail. **Poultry Science**, v.92, p.1942–1948, 2013.
- KIZILKAYA, K.; BALCIOĞLU, M.S.; YOLCU, H.İ.; KARABAĞ, K.; GENÇ, I.H. Growth curve analysis using nonlinear mixed model in divergently selected Japanese quails. **Arch.Geflügelk.**, v.70, n.4., p.181-186, 2006.
- LONG, R.L.; El sistema de evaluación de Ankony y su aplicación en la mejora del ganado. Colorado. **Ankony Corporation**, 20p. 1973.
- MARKS, H.L. Growth curve changes associated with long term selection for body weight in Japanese quail. **Growth**, v.42, p.129-140, 1978.
- MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C.; POIVEY, J.P; ROCHAMBEAU, H. Estimation of the genetic parameters of sexual dimorphism of body weight in 'label' chickens and Muscovy ducks. **Genetics Selection Evolution**, v.30 p.481-491, 1998.
- MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C. Les Courbes de Croissance chez les Oiseaux. **INRA Productions Animal**, v.13, n.5, p.337-348, 2000.
- MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C.; RICARD, F.H. Genetic Analysis of a Selection Experiment on the Growth Curve of Chickens. **Poultry Science**, v.80 p.849-854, 2001.
- NARINC, D.; KARAMAN, E.; FIRAT, M.Z.; AKSAY, T. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.14, p.1961-1966, 2010.
- NETER, J. *et al.* **Applied linear statistical models**. 4th. ed. Chicago: Richard D. Irwin, 1408 p., 1996.
- RAO, C. R. **Linear statistical inference and its applications**. New York: John Wiley, 522p., 1973.

- RATKOWSKI, D.A. **Nonlinear regression modeling: a unified practical approach**. Marcel Dekker, New York. 1983.
- REGAZZI, A. J. Teste para verificar a identidade de modelos de regressão e a igualdade de alguns parâmetros num modelo polinomial ortogonal. **Revista Ceres**, v.40, n.228, p.176-195, 1993.
- REGAZZI, A. J. Teste para verificar a identidade de modelos de regressão e a igualdade de parâmetros no caso de dados de delineamentos experimentais. **Revista Ceres**, Viçosa, v.46, n.266, p.383-409, 1999.
- REGAZZI, A. J. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. **Revista Ceres**, Viçosa, v.50, n.287, p.9-26, 2003.
- REGAZZI, A.J.; SILVA, C.H.O.; Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. *Revista de Matemática e Estatística*, São Paulo, v.22, n.3, p.33-45, 2004.
- REGAZZI, A.J & SILVA, C.H.O. Testes para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear em dados de experimento com delineamento em blocos casualizados. **Revista Ceres**, v.57, n.3, p.315-320, 2010.
- RICHARDS, F.J. A flexible growth function for empirical use. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.10, p.290-300, 1959.
- SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.2 ed. Cary: SAS Institute USA, 2008. Licenciado pela Universidade Federal de Viçosa, 2013.
- SEGÜL, T.; KIRAZ, S. Non-linear models for growth curves in large white turkeys. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v.29, p.331-337, 2005.
- SEZER M., TARHAN S. Model parameters of growth curves of three meat-type lines of Japanese quail. **Czech Journal of Animal Science**, v.50, n.1, p.22-30, 2005.
- SILVEIRA, F.G.; SILVA, F. F.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; PETERNELLI, L.A.; SOUZA Jr, A.A.O. Classificação multivariada de modelos de crescimento para grupos genéticos de ovinos de corte. Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria, **Anais ...** São Carlos, 2009.
- SILVEIRA, F.G. **Classificação multivariada de modelos de crescimento para grupos genéticos de ovinos de corte**. 2010. 74f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- SCHWARZ, G.E.; Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v.6, n.2, p. 461–464, 1978.
- THOLON, P.; BRUNELI, F.A.T.; FREITAS, E.CI.; et al. Estudo de curvas de crescimento deperdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. **Anais...Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia** (40); 2003; Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil.

THOLON P.; QUEIROZ, S.A. Models for the analysis of growth curves for rearing tinamous (*Rhynchotus rufescens*) in captivity. **Brazilian Journal of Poultry Science**, v.9, n.1, p.23-31, 2007.

VON BERTALANFFY, K.L. Quantitative laws for metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, v.32, p.217-231, 1957.

1.8. ANEXOS

1.8.1. Rotinas para modelos não lineares

Rotinas em SAS® para modelos não lineares de Gompertz, Logístico, Brody, von Bertalanffy, Richards e Spline com um nó.

```
/*IMPORTAÇÃO DE ARQUIVO*/
```

```
data identidade;  
input dia peso d1 d2;  
cards;  
1 7.42 1 0  
1 22.45 1 0  
.  
.  
.  
28413.55 0 1  
28448.09 0 1 ;
```

```
*****Modelo de Gompertz (A) *****;  
procmodel data= identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;  
y=b1*exp(-exp(b2-b3*x));by animal;  
parms b1=100 to 400 by 100 b2=0 to 10 by 2 b3=0 to 0.2 by 0.02 ;  
TITLE 'MODELO DE GOMPERTZ';  
fit Y /fiml outest=saida out=saida2 outall;  
ods output EstSummaryStats=Loglike;  
RUN;  
QUIT;
```

```
*****Modelo Logístico (B) *****;  
procmodel data= identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;  
y=b1/(1+exp(b2-b3*x));by animal;  
parms b1=100 to 400 by 100 b2=0 to 10 by 2 b3=0 to 0.2 by 0.02;  
TITLE 'MODELO LOGÍSTICO';  
fit Y /fiml outest=saida out=saida2 outall;  
ods output EstSummaryStats=Loglike;  
RUN;  
QUIT;
```

```
*****Modelo de Brody (C) *****;  
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;  
y=b1*(1-b2*exp(-b3*x));by animal;  
parms b1=300 to 500 by 1 b2=0.9 to 1.2 by 0.01 b3=0.01 to 0.1 by 0.001;  
TITLE 'MODELO Brody';  
fit Y /fiml outest=saida out=saida2 outall;  
ods output EstSummaryStats=Loglike;  
RUN;  
QUIT;
```

```

*****Modelo de von Bertalanffy (D) *****;
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;
y=b1*(1-b2*exp(-b3*x))**3;by animal;
parms b1=300 to 500 by 1 b2=0.9 to 1.2 by 0.01 b3=0.01 to 0.1 by 0.001;
TITLE 'MODELO VON BERTALANFFY';
fit Y /fiml outest=saida out=saida2 outall;
ods output EstSummaryStats=Loglike;
RUN;
QUIT;

```

```

*****Modelo de Richards (E) *****;
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;
y=b1/(1+exp(b2-b3*x))**(1/b4);by animal;
parms b1=100 to 400 by 100 b2=0 to 10 by 2 b3=0 to 0.2 by 0.02 b4=0.1 to 0.3 by 0.01 ;;
TITLE 'MODELO RICHARDS';
fit Y /fiml outest=saida out=saida2 outall;
ods output EstSummaryStats=Loglike;
RUN;
QUIT;

```

*****ajuste do modelo Spline com um nó para comparação usando procedimento não linear (F) *****;

```

procmodel DATA=identidade MAXITER=100 METHOD=MARQUARDT; by animal;
PARMS a1=-16 to 16 by 2 b1= 0 to 10 by 2 c=14 b2=-5 to 5 by 1;
Xpart = a1 + b1*x;
IF (x > c) THEN DO;
Xpart = a1 + c*(b1-b2) + b2*X;
end;
Y = Xpart;
TITLE 'MODELO SPLINE';
fit Y /fiml outest=saida out=saida2 outall;
ods output EstSummaryStats=Loglike;
RUN;

```

```

****obtendo o logLike para obter AIC e BIC****;
data Loglike;set Loglike;
if Label1="Missing" then delete;
if Label2="Objective" then delete;
RUN;
QUIT;

```

1.8.2. Rotinas para teste de identidade de parâmetros

Rotinas em SAS® para teste de identidade de parâmetros no modelo de regressão não-linear de Gompertz.

```

/*IMPORTAÇÃO DE ARQUIVO*/
data identidade;
input dia peso d1 d2;
cards;
1 7.42 1 0
1 22.45 1 0
.;
28413.55 0 1
28 448.09 0 1;

```

*****Identidade de modelos*****

Rotinas em SAS® para teste de identidade de parâmetros no modelo de regressão não linear de Gompertz

/*****modelo completo ômega*****/

/*Estimativas iniciais foram tomadas para cada grupo separadamente*/;
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;
y=D1*(a1*exp(-exp(b1-c1*x)))+ D2*(a2*exp(-exp(b2-c2*x)));
parms a1=296.19 b1=1.49 c1=0.08574 a2=338.54 b2=1.405 c2=0.08576;
TITLE 'MODELO COMPLETO';
fit y / outest=saida;
RUN;
QUIT;

/*****Rotinas para o modelo com restrição w1:a1=a2=a*****/

/*Estimativa inicial de a foi tomada como média de a1 e a2*/
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;
y=D1*(a*exp(-exp(b1-c1*x)))+ D2*(a*exp(-exp(b2-c2*x)));
parms a=317.36 b1=1.49 c1=0.08574 b2=1.405 c2=0.08576;
TITLE 'MODELO REDUZIDO A';
fit y / outest=saida;
RUN;
QUIT;

/*****Rotinas para o modelo com restrição w2:b1=b2=b*****/

/*Estimativa inicial de b foi tomada como média de b1 e b2*/
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;
y=D1*(a1*exp(-exp(b-c1*x)))+ D2*(a2*exp(-exp(b-c2*x)));
parms a1=296.19 b=1.4475 c1=0.08574 a2=338.54 c2=0.08576;
TITLE 'MODELO REDUZIDO B';
fit y / outest=saida;
RUN;
QUIT;

/*****Rotinas para o modelo com restrição w3:c1=c2=c*****/

/*Estimativa inicial de c foi tomada como média de c1 e c2*/
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;
y=D1*(a1*exp(-exp(b1-c*x)))+ D2*(a2*exp(-exp(b2-c*x)));
parms a1=296.19 b1=1.49 c=0.08575 a2=338.54 b2=0.08576;
TITLE 'MODELO REDUZIDO C';
fit y / outest=saida;
RUN;
QUIT;

/*****Rotinas para o modelo com restrição w4:a1=a2=a e b1=b2=b c1=c2=c*****/

/*Estimativa inicial de a, b e c foi tomada como média de ai, bi e ci respectivamente*/
procmodel data=identidade dw maxiter=100 METHOD=MARQUARDT;
y=D1*(a*exp(-exp(b-c*x)))+ D2*(a*exp(-exp(b-c*x)));
parms a=317.36 b=1.4475 c=0.08575;
TITLE 'MODELO REDUZIDO ABC';
fit y / outest=saida;
RUN;
QUIT;

*****teste da razão de verossimilhança para avaliar os modelos testados*****;

data quiquad;
p = 1 - probchi(x, 1);
procprint;
RUN;
QUIT;

CAPÍTULO 2

Modelos de regressão aleatória para comparação de parâmetros genéticos entre gerações de seleção de codornas de corte

2.1. RESUMO

No presente trabalho, objetivou-se comparar parâmetros genéticos entre gerações de seleção de duas linhagens de codornas de corte, composta por 15 gerações, com o intuito de analisar a modificação da curva de crescimento utilizando modelos de regressão aleatória. Foram utilizados pesos individuais, coletados ao 1, 7, 14, 21 e 28 dias de vida, em uma população de 18.766 animais da linhagem UFV1 e 18.456 animais da linhagem UFV2, de ambos os sexos, dividida em três grupos, com cinco gerações cada. Foi utilizado o modelo animal, através da regressão aleatória, com o uso de polinômios de Legendre, com geração e sexo como efeito fixo. A variância genética aditiva diminuiu ao longo das gerações, com aumento da variância de ambiente permanente e residual, à medida que a seleção atuou. A herdabilidade diminuiu ao longo das gerações, sendo alta nos pesos ao nascimento, reduzindo nas idades intermediárias e aumento da mesma, à medida que o animal se aproximou da fase adulta. Assim, recomenda-se a seleção dos animais aos 28 dias de vida, pois é a idade com maior valor de herdabilidade. Além disso, para banco de dados que contenha grandes números de gerações de seleção, recomenda-se a utilização apenas das últimas gerações para estimação de componente de variância, pois permite reduzir o erro da estimação.

Palavras chaves: comparação de curvas, *Coturnix coturnix*, modelos de dimensão infinita, peso corporal, polinômios de Legendre

CHAPTER 2

Random regression models for comparison of genetic parameters between generations of selection of quails meat type

2.2.ABSTRACT

In the present study, it was aimed to compare genetic parameters between selection generations of two strains of meat type quails, composed by 15 generations, with the intention of analyzing the change of the growth curve using random regression models. It were used Individual weights, collected at 1, 7, 14, 21 and 28 days of life in a population of 18,766 animals of UFV1 strain and 18,456 animals of UFV2 strain, of both sexes, divided into three groups, each group with five generations. The animal model was used by random regression using Legendre polynomials, with generation and sex as fixed effects. The additive genetic variance decreased over the generations, with an increase in permanent environmental and residual variances, as the selection acted. The heritability decreased over the generations, being high at the birth weights, reducing the intermediate ages and increasing it, as the animal approached adulthood. Thus, the selection of animals at 28 days of life is recommended, because this is the age with the highest heritability. Moreover, to a dataset that contains large numbers of selection generations, it is recommended to use only the latest generations for variance components estimation, because it allows to reduce the estimation error.

Key words: body weight, comparison of curves, *Coturnix coturnix*, models of infinite size, Legendre polynomials

2.3. INTRODUÇÃO

Animais submetidos à seleção para maior peso corporal, por várias gerações, tendem a modificar a curva de crescimento, devido a maior fixação de genes para aumento de peso e da velocidade de crescimento. Entretanto, pouco se conhece sobre o comportamento dos componentes de variância genética aditiva, residual e de ambiente permanente durante a modificação da curva de crescimento dos animais.

Para estudos desse tipo, torna-se interessante o uso de animais que demandam de pouco espaço, precocidade para atingir a fase adulta, alta capacidade de gerar descendentes e que seja de interesse produtivo. Um animal que atende bem a esses parâmetros descritos é a codorna de corte. As codornas têm despertado interesse se tornando uma cobaia na pesquisa de aves. A semelhança com as galinhas, aliado à excelente aceitação da carne e dos ovos, tem feito com que as pesquisas para essa espécie aumentem cada vez mais. Se consideramos apenas as pesquisas envolvendo aves, em torno de 10% têm nas codornas os animais de experimentação (MINVIELLE, 2009), e esse número vem crescendo cada vez mais.

Uma das formas de estudar a curva de crescimento dos animais é através dos modelos de regressão aleatória (MRA). Segundo SILVA *et al.* (2008), modelos de regressão aleatória são modelados através dos desvios de cada animal em relação a uma curva fixa estimada. As estimativas dos componentes de covariância atribuídos aos coeficientes de regressão aleatórios permitem estimar a covariância entre quaisquer valores da variável independente para o efeito aleatório modelado, o que é realizado por meio da função de covariância. Esta função descreve toda a estrutura de covariância deste efeito para o intervalo considerado na variável independente.

Os MRAs, inicialmente, usavam os polinômios ortogonais para estimar as funções de covariância. Entretanto, com o intuito de diminuir os problemas de ajuste, os polinômios ortogonais de Legendre foram amplamente utilizados. Segundo SCHAEFFER (2009), os polinômios ortogonais tendem a reduzir as correlações entre os coeficientes de regressão estimados, evitando problemas de multicolinearidade severa, o que pode gerar impedimentos quando se utiliza métodos de REML ou bayesianos, e permitindo uma maior velocidade no processo de convergência. Além disso, esses polinômios possuem maiores facilidade de cálculos e utilização.

Objetivou-se no presente estudo, comparar os parâmetros genéticos entre gerações de seleção de duas linhagens de codornas de corte utilizando dados de peso corporal, com o intuito de analisar a modificação da curva de crescimento utilizando modelos de regressão aleatória, com o uso de polinômios de Legendre.

2.4. MATERIAL E MÉTODOS

2.4.1. Origem dos dados

Os dados utilizados neste trabalho são originados de duas linhagens (UFV1 e UFV2) de codornas de corte (*Coturnix coturnix*) pertencente ao Programa de Melhoramento de Aves do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa.

Em cada geração, as aves foram alojadas em boxes de piso de concreto forrado com cama de maravalha, composto de um círculo de proteção e aquecimento através de campânulas elétricas. Desde a primeira fase até o 42º dia de vida, foi fornecida uma dieta com 26% de proteína bruta e 2.950 kcal de energia metabolizável por kg, sendo que água e ração foram fornecidos à

vontade. Até o 21º dia de idade, foram utilizados programas de iluminação de 24 horas. De 21 a 28 dias de idade, a iluminação natural foi adotada. Além do peso inicial, os animais foram pesados individualmente com 7, 14, 21 e 28 dias de vida.

A população fundadora continha 227 animais (144 fêmeas e 83 machos) da linhagem UFV1 e 185 animais da linhagem UFV2 (119 fêmeas e 66 machos). A partir dos fundadores, foi originada a primeira geração usando a proporção de um macho para duas fêmeas, alojados em gaiolas individuais, acasalados aleatoriamente. Para a próxima geração, foram selecionados 102 machos e 204 fêmeas nas duas linhagens, baseado no maior peso corporal aos 28 dias de idade. A reprodução dos animais foi igualmente repetida, até completar 15 gerações, resultando em uma matriz de parentesco com 18.766 e 18.456 animais, de ambos os sexos, das linhagens UFV1 e UFV2, respectivamente.

2.4.2. Análises estatísticas

O conjunto de dados, que inicialmente continha 15 gerações, foi dividido em três grupos, com cinco gerações cada, sendo que o grupo 1 (G1) continha as gerações de 1 a 5, o grupo 2 (G2), contendo as gerações de 6 a 10 e o grupo 3 (G3), com gerações de 11 à 15. O pedigree utilizado para G1 foi obtido dos pais das gerações 1 à 5. Para a formação do pedigree do G2, foi utilizado os pais das gerações 1 à 10 e para o G3, foram utilizados os pais das gerações 1 à 15. Após a edição do arquivo de dados, para eliminação de dados discrepantes, restaram para análise 15.440 aves da linhagem UFV1 e 18.202 da linhagem UFV2.

Em ambas as linhagens, os pesos individuais foram analisados com o

uso do modelo animal, através da regressão aleatória, onde as idades foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre, sendo a regressão fixa e aleatória representadas por funções contínuas. A geração e o sexo foram utilizados como efeito fixo. Foram utilizados polinômios de ordem 6 para efeito genético aditivo e para efeito de ambiente permanente, em todas as análises, e variância residual heterogênea por meio de 4 classes de idades, ou seja, uma classe para cada intervalo de idade, de acordo com BONAFÉ *et al.* (2010). De forma geral, os modelos com diferentes estruturas de variâncias residuais podem ser representados como se segue:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=1}^3 \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^{k_a} \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^{k_c} \rho_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

em que: y_{ij} é o peso no dia j da codorna i ; F é o efeito fixo do grupo de contemporâneo (geração-eclosão-sexo-idade); β_m é o coeficiente de regressão fixo do peso sobre o polinômio de Legendre m , representado por uma função quadrática, para modelar a curva média de crescimento da população; α_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para a codorna i ; k_a e k_c são as ordens de ajustes dos polinômios de Legendre igual a 6; ϕ_m é a função polinomial de Legendre da idade padronizada m ; e ε_{ij} é o efeito aleatório residual.

Na forma matricial, o modelo anterior, com suas respectivas pressuposições, pode ser escrito como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \begin{matrix} \text{Var}(a) = K_a \otimes A, \\ \text{e Var}(c) = K_c \otimes I_{nd}, \\ \text{Var}(e) = I_7 \otimes \sigma_j^2; \end{matrix}$$

em que y é o vetor de N observações referentes a N_d animais; b é o vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes b_m da regressão fixa; a é o vetor $k_a \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que N_D representa o número de animais na matriz de parentesco; c é o vetor $k_c \times Nd$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente de animal; e é um vetor de erros aleatórios; X , Z_1 e Z_2 são matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente. K_a e K_c são matrizes de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente; A é a matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; I_{nd} é a matriz identidade de dimensão nd ; \otimes é o operador produto direto; σ_j^2 são variâncias residuais.

Para obtenção das estatísticas descritivas foi utilizado o procedimento PROC MEANS do programa estatístico SAS® 9.1 (2004). As covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genética aditivo direto e ambiente permanente de animal, conforme o modelo ajustado, foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o programa WOMBAT (MEYER, 2007).

2.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas descritivas para a linhagem UFV1 e UFV2 podem ser

observadas nas tabelas 1 e 2, respectivamente. O peso corporal aos 28 dias de idade aumentou ao longo dos três grupos de gerações, fazendo com que o grupo 3(G3) obtivesse os maiores valores médios de registro de peso nas cinco idades observadas, para as duas linhagens. Isso demonstra que a seleção foi efetiva em aumentar o peso dos animais, com média próxima de 250,0 gramas aos 28 dias, peso este almejado pelos frigoríficos para o abate de codornas.

Tabela 1 – Estatística descritiva dos cinco registros de pesagens, contendo idade de coleta dos pesos (idade), número de dados (n), média (\bar{m}), valores de máximo (máx.) e mínima (min.) e desvio padrão (D.P.) separados por grupos para a linhagem UFV1.

Grupo	idade	n	\bar{m} (g)	máx. (g)	min. (g)	DP(g)
G1	P01	5304	9,44	12,55	6,20	1,09
	P07	5210	30,28	56,92	10,00	6,68
	P14	5206	79,83	130,6	38,00	13,55
	P21	5222	139,04	228,85	74,20	20,82
	P28	5214	197,17	301,63	122,30	23,92
G2	P01	5090	10,10	13,56	7,33	0,91
	P07	4208	37,95	58,03	19,06	5,97
	P14	3601	97,41	136,69	55,06	12,69
	P21	3634	167,01	218,66	106,89	17,71
	P28	3341	233,35	315,06	164,70	20,49
G3	P01	4851	10,51	14,11	7,75	0,92
	P07	4327	43,54	65,16	21,45	6,81
	P14	4154	106,88	149,10	61,42	13,89
	P21	4016	185,42	284,66	117,80	19,89
	P28	4046	253,50	323,63	180,70	21,40

G1= grupo 1 (gerações 1 à 5); G2= grupo 2 (gerações 6 à 10); G3= grupo 3 (gerações 11 à 15); P01 = peso ao nascimento; P07 = peso aos sete dias de vida; P14 = peso aos 14 dias de vida; P21 = peso aos 21 dias de vida; P28 = peso aos 28 dias de vida.

Os valores médios encontrados para as duas linhagens estão próximos aos pesos corporais encontrados por SILVA *et al.* (2013), se considerarmos apenas as médias de G1. Para os demais grupos (G2 e G3), os valores obtidos nessa análise foram superiores. O mesmo foi observado também, quando comparado com os valores encontrados por LÁZARO *et al.* (2012) em codornas de corte, e superiores aos encontrados por GEORG (2007) em codornas japonesas.

Tabela 2 – Estatística descritiva dos cinco registros de pesagens, contendo idade de coleta dos pesos (idade), número de dados (n), média (\bar{m}), valores de máximo (máx.) e mínima (min.) e desvio padrão (DP) separados por grupos para a linhagem UFV2.

Grupo	idade	n	\bar{m} (g)	máx. (g)	min. (g)	DP(g)
G1	P01	8953	9,53	13,21	6,20	1,10
	P07	7247	31,27	58,74	11,60	6,60
	P14	6266	81,92	214,20	40,60	13,20
	P21	6000	143,10	265,00	79,00	20,34
	P28	5715	203,05	358,71	126,40	24,23
G2	P01	5016	10,17	14,50	7,30	0,98
	P07	4078	37,43	59,36	18,78	5,95
	P14	3540	97,41	137,93	53,36	13,74
	P21	3636	165,80	253,79	102,61	19,38
	P28	3245	231,79	323,22	161,30	22,09
G3	P01	4053	10,69	16,09	7,45	1,07
	P07	3408	43,67	68,97	23,21	6,62
	P14	3375	109,04	158,36	65,60	13,48
	P21	3306	191,03	297,43	128,04	19,81
	P28	3338	261,01	397,17	184,40	24,18

G1= grupo 1 (gerações 1 à 5); G2= grupo 2 (gerações 6 à 10); G3= grupo 3 (gerações 11 à 15); P01 = peso ao nascimento; P07 = peso aos sete dias de vida; P14 = peso aos 14 dias de vida; P21 = peso aos 21 dias de vida; P28 = peso aos 28 dias de vida.

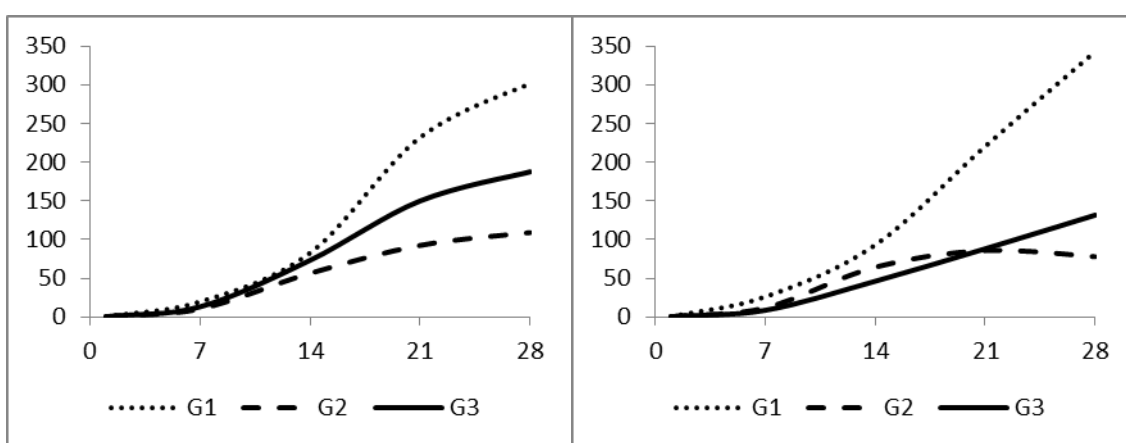
Para todas as linhagens, o peso ao nascimento possui o maior número de registro de peso corporal nos três grupos, havendo redução do número de animais com o aumento da idade. Isso aconteceu devido à mortalidade dos animais ou devido à perda de identificação, o que culminou no descarte da ave.

As variâncias devido aos efeitos de animal, ou seja, genética aditiva direta (Figura 1) e ambiente permanente de animal (Figura 2) diferiram entre os três grupos estudados, nas duas linhagens. A magnitude dos valores das estimativas encontradas para a linhagem UFV1 e UFV2 foram semelhantes aos observados por BONAFÉ *et al.*(2011), trabalhando com parte desses dados, para G2 e G3 e bastante inferiores, quando comparadas ao grupo 1 (G1). À medida que o animal avançou em termos de idade, a variância genética aditiva aumentou consideravelmente.

THOLON & QUEIROZ (2008), trabalhando com dados de perdizes

(*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro, também tiveram aumentos consideráveis nas estimativas de variância genética aditiva quando se utilizou um modelo que continha heterogeneidade de variância residual. Para os modelos que continha homogeneidade de variância residual, as estimativas de variância genética aditiva se comportaram de maneira quase constantes, com poucas variações.

A variância genética aditiva tende a ser mínima no início (peso ao nascimento) e aumenta à medida que o animal chega à fase adulta. Esse comportamento é bastante comum e bem argumentado na literatura, como os trabalhos de MEYER (2001), SOUSA *et al.*(2010) e SARMENTO *et al.*(2010). Segundo MEYER (2001), essa redução está ligada à falta de ajuste da variância residual, quando são incluídos os pesos ao nascimento, aumentando a ordem de ajuste requerida nas análises de regressão aleatória. Além disso, SOUSA *et al.*(2010) afirmam que os pesos ao nascer podem ser acompanhados por variações inexplicáveis, como fatores relacionados normalmente ao momento do nascimento.



UFV1

UFV2

Figura 1 –Estimativas da variância genética aditiva para as linhagens UFV1e UFV2 para os três grupos de gerações: G1 = gerações iniciais; G2 = gerações intermediárias; G3 = gerações finais.

A linhagem UFV1 teve menor variação entre grupos, quando

comparados à linhagem UFV2, sendo que a amplitude dessa última foi maior em relação à G1 e os demais grupos. Esse mesmo grupo (G1) apresentou os maiores valores de variância genética aditiva, para as duas linhagens, seguida de G3 e G2, respectivamente, aumentando a diferença entre os grupos quando se aproximou do peso aos 28 dias. Em alguns casos, a variância genética aditiva pode diminuir à medida que a seleção atua, pois tende a diminuir a variabilidade. Com isso, há aumento da variância residual e, por sua vez, redução da herdabilidade. Essa redução está associada à maior fixação dos genes favoráveis pela seleção ou devido à ação da endogamia. Apesar da endogamia ser considerada baixa, observada pelos trabalhos de CRISPIM (2013), que utilizou os mesmo dados desse estudo, a porcentagem de animais endogâmicos foi alta, quando se considerou as 15 gerações, o que pode explicar ainda mais essa redução da variância. O grupo 2, que contém as gerações 6 à 10, sofreram maior intensidade de seleção. Isso foi determinante para que a variância genética aditiva do grupo 2 reduzisse mais que o grupo 3.

As estimativas de variâncias de ambiente permanente (Figura 2) aumentaram ao longo da idade das aves, sendo que os maiores valores obtidos foi observado no grupo 2. Padrão semelhante também foi observado por MEYER (2001), SOUSA *et al.*(2010) e SARMENTO *et al.*(2010), SOUSA *et al.*(2011) e BONAFÉ *et al.*(2011).Entretanto, THOLON & QUEIROZ (2008) encontraram valores baixos de variância de ambiente permanente utilizando modelos que continham ou não heterogeneidade de variância residual.

ROVADOSCKI (2013), utilizando modelos de regressão aleatória para quatro linhagens de frango caipira observou aumento nas estimativas de variância para o efeito de ambiente permanente de animal em função da idade, sendo mais acentuado no final da curva, semelhante ao encontrado nas duas

linhagens, neste estudo. Tendências semelhantes foram relatadas por BONAFÉ *et al.*(2011) com codorna de corte e BALDI *et al.*(2010) com bovinos de corte da raça Canchim.

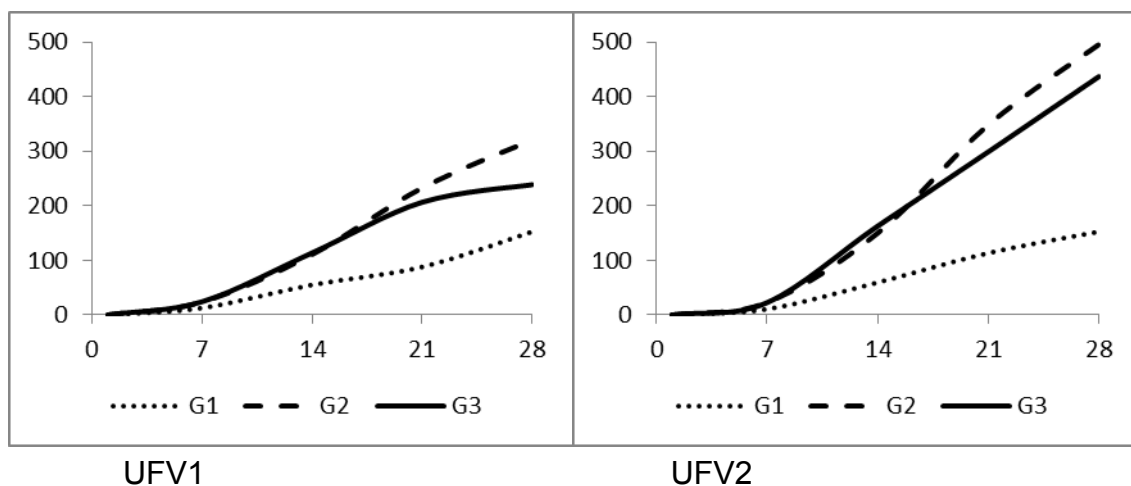


Figura 2 – Estimativas da variância de ambiente permanente para as linhagens UFV1 e UFV2 para os três grupos de gerações: G1 = gerações iniciais; G2 = gerações intermediárias; G3 = gerações finais.

Com relação às estimativas de variância residual (Figura 3), essas foram obtidas, considerando heterogeneidade de variância por meio de quatro classes de idades, segundo BONAFÉ *et al.*(2011), tendo um considerável aumento a partir dos 21 dias para o grupo G3. Nesse mesmo grupo, na linhagem UFV2, a variância residual diminuiu no intervalo de 14 até 21 dias, voltando a aumentar posteriormente. SARMENTO *et al.* (2010), relataram comportamento semelhante da variância residual quando essa foi considerada heterogênea. Os demais grupos tiveram comportamentos considerados normais, com maiores aumentos à medida que o animal se aproximou da idade adulta, bastante semelhante aos observados por SARMENTO *et al.*(2010), SOUSA *et al.*(2010), BALDI *et al.* (2010), SOUSA *et al.* (2011) e BONAFÉ *et al.* (2011). O segundo grupo (G2), nas duas linhagens, apresentaram os menores valores de variância

residual, sendo que, apenas a partir dos 21 dias na linhagem UFV2, esses valores foram superiores aos obtidos para o primeiro grupo. Esse comportamento da variância residual, juntamente com a variância genética aditiva, foram responsáveis por reduzirem as estimativas de herdabilidade do grupo 2 (Figura 5) para a linhagem UFV1 e uma redução drástica para a linhagem UFV2.

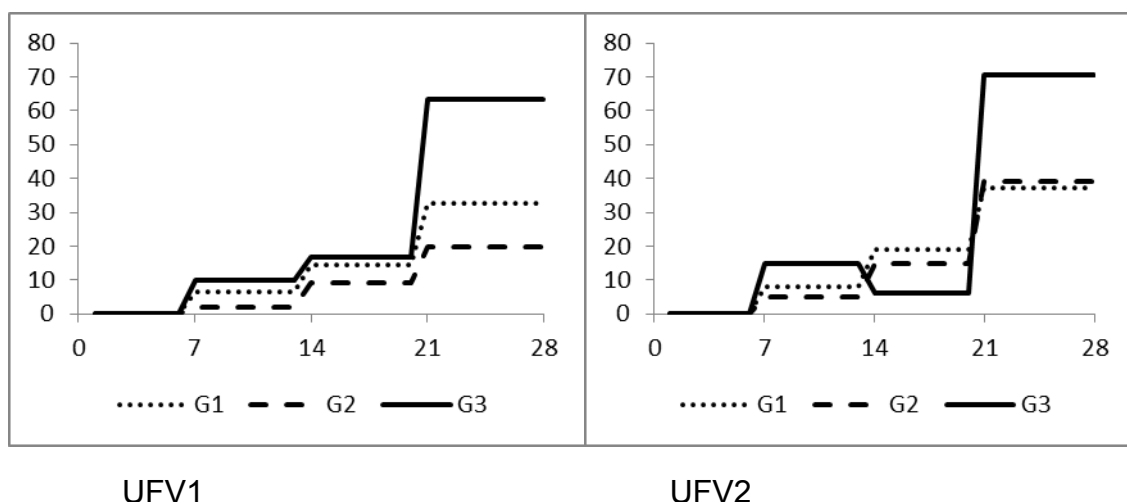


Figura 3 – Estimativas da variância residual para as linhagens UFV1 e UFV2 para os três grupos de gerações: G1 = gerações iniciais; G2 = gerações intermediárias; G3 = gerações finais.

A variância fenotípica apresentou valores crescentes ao longo das idades (Figura 4), nos três grupos e nas duas linhagens, com uma leve sobreposição do grupo 3. Aspectos semelhantes foram encontrados também por SARMENTO *et al.*(2010).

Embora o grupo 2 tenha apresentado os menores valores de variância genética aditiva e residual, a variância de ambiente permanente foi suficiente para fazer com que os valores se iguallassem aos demais grupos na variância fenotípica. Isso implica que, ao analisarmos a variância fenotípica isoladamente, poderíamos concluir que os três grupos seriam semelhantes segundo os valores estimados para a característica peso corporal. Entretanto,

ao analisarmos a composição da variância fenotípica, observamos que os seus

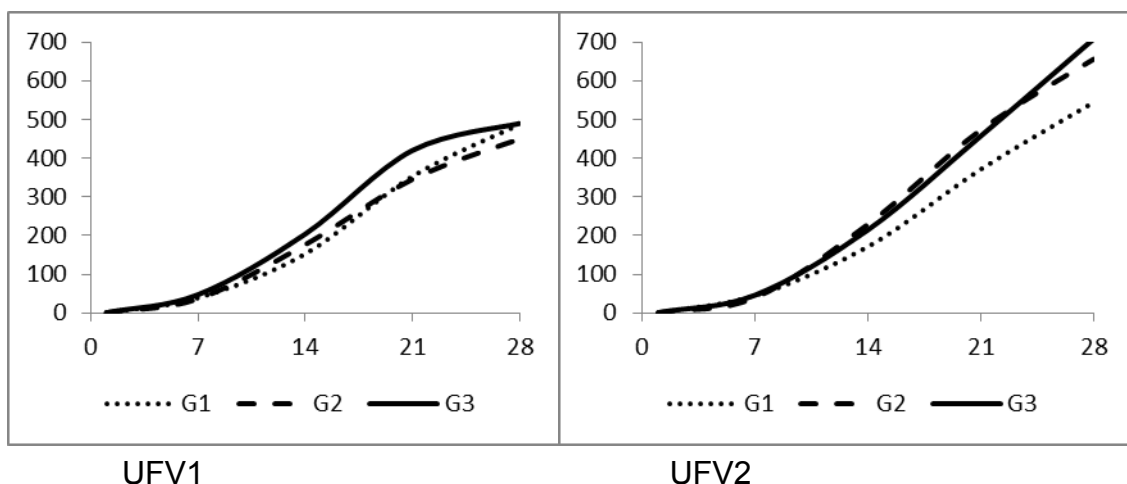


Figura 4 – Estimativas da variância fenotípica para as linhagens UFV1 e UFV2 para os três grupos de gerações: G1 = gerações iniciais; G2 = gerações intermediárias; G3 = gerações finais.

componentes possuem comportamentos diferentes, sendo capazes de alterar inclusive os valores da herdabilidade estimada (Figura 5). As estimativas de herdabilidade começaram com valores altos e foram reduzindo ao longo do tempo. Esse comportamento também foi relatado por PEREIRA *et al.* (2013), em bovinos da raça Gir. Os valores estimados da herdabilidade para G1 foram os mais altos, variando de 0,50 a 0,65 para a linhagem UFV1 e de 0,54 a 0,63 para a linhagem UFV2. No G2, os valores de herdabilidades variaram de 0,24 a 0,59 e 0,12 a 0,58, para as linhagens UFV1 e UFV2, respectivamente. Para G3, os valores estimados foram de 0,28 a 0,61 para UFV1 e 0,19 a 0,58 para UFV2. Isso demonstra que a seleção tende a diminuir os valores de herdabilidade ao longo das gerações.

AKBAS *et al.*(2004), trabalhando com codornas japonesas selecionadas para corte, encontraram herdabilidades crescentes até 28 dias(0,07 a 0,61), com leve queda até 42 dias de idade mantendo-se alta.DIONELLO*et al.* (2008), trabalhando com duas linhagens de codornas de

corte (EV1 e EV2) encontraram herdabilidades crescentes para alinhagem EV1, variando de 0,01 ao nascimento a 0,50 aos 42 dias de idade, porém, encontraram herdabilidades baixas, variando de 0,01 a 0,10, para a linhagem EV2. O mesmo comportamento foi observado por BONAFÉ *et al.* (2011), cujas herdabilidades decresceram a partir do peso ao nascimento até os 14 dias, e voltou a crescer até completar 42 dias para ambas as linhagens. Entretanto, SILVA *et al.* (2013), observou queda na herdabilidade para peso ao nascimento, com a herdabilidade apresentando valores constantes à medida que o animal se aproximava da idade adulta para a linhagem UFV1 e queda do nascimento ao 7º dia e aumento a partir desta data até a fase adulta.

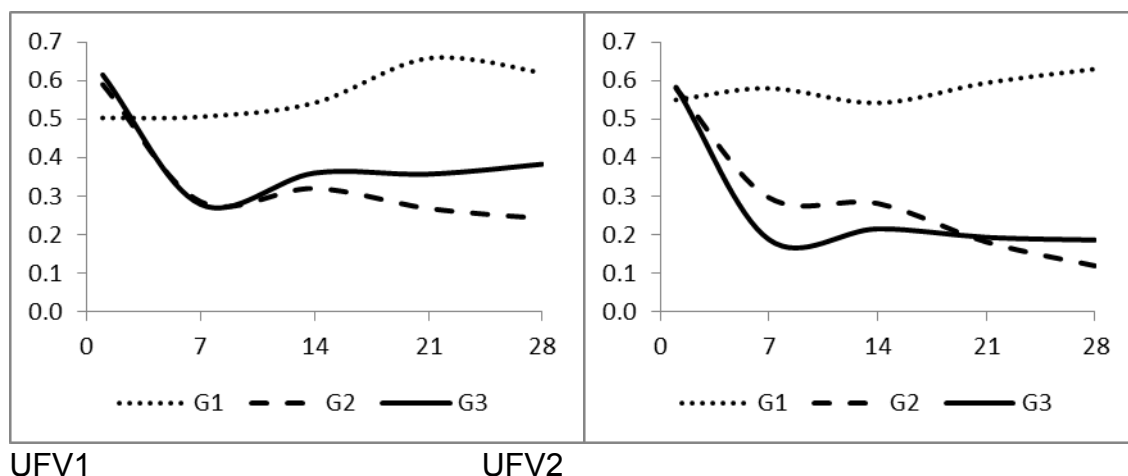


Figura 5 – Estimativas de herdabilidade (h^2) para as linhagens UFV1 e UFV2 para os três grupos de gerações: G1 = gerações iniciais; G2 = gerações intermediárias; G3 = gerações finais.

Valores de herdabilidade altos no peso ao nascimento parecem ser comuns e bastante relatados na literatura. A baixa ação de efeito de ambiente para aves no primeiro dia de vida pode ser a causa para manter esses valores altos no início da vida do animal, reduzindo à medida que o mesmo chega à fase adulta. Assim, SILVA *et al.* (2013) sugere que a estimativa de herdabilidade para peso ao nascimento pode ser melhorada pelo uso do componente materno ou utilizando efeito permanente materno. TIGLI *et al.*

(1997) trabalhando com codornas japonesas relataram estimativas fora do espaço paramétrico devido à ausência destes efeitos. AGGREY & CHENG (1992) sugerem que essa inflação na estimativa de herdabilidade de peso ao nascimento em aves pode ser devido à variância materna comum presente no tamanho do ovo.

Se basearmos apenas nos valores de herdabilidade, os resultados obtidos sugerem que o peso ao nascimento seja o melhor dia de fazer a seleção dos animais, pois apresenta maiores valores dessa estimativa. Entretanto, apesar da queda brusca na curva da herdabilidade a partir do peso inicial, esta apresenta um leve aumento a partir do nascimento. SILVA *et al.* (2013), trabalhando com os dados parciais das linhagens UFV1 e UFV2, demonstraram que o peso ao nascimento apresenta baixa correlação com os pesos aos 28, 35 e 42 dias (0,21, 0,21 e 0,17 para a linhagem UFV1 e 0,20, 0,20 e 0,15 para a linhagem UFV2). Assim, a idade de 28 dias ainda é a melhor idade para seleção dos animais, cujas estimativas de herdabilidade apresentam maiores valores, se não considerarmos o peso ao nascimento, para ambas as linhagens.

A utilização do banco de dados completos, com todas as gerações, para a estimação de componentes de variância, para ambas as linhagens, pode levar a obtenção de estimativas implausíveis, uma vez que a variância genética aditiva tende a diminuir ao longo das gerações e, em contrapartida, percebe-se o aumento da variância de ambiente permanente e da variância residual. Esse caminho inverso seguido pelas componentes de variância implica em diminuição dos valores de herdabilidade ao longo das gerações. Essas diferenças podem ser mascaradas principalmente, se as primeiras gerações tiverem maior número populacional, como é o caso da linhagem

UFV2, pois vão influenciar na obtenção das estimativas de componentes de variâncias das gerações finais.

2.6. CONCLUSÕES

As estimativas de variância fenotípica possuem comportamento semelhante para os grupos de gerações iniciais, intermediárias e finais para as linhagens UFV1 e UFV2 de codornas de corte. A diferença entre os três grupos de gerações para ambas as linhagens reside nos componentes da variância fenotípica. A variância genética aditiva diminui ao longo das gerações e, em contrapartida, a variância de ambiente permanente e residual tende a aumentar ao longo das gerações de seleção.

A herdabilidade tende a diminuir a cada geração, como resposta à diminuição da variância genética aditiva e aumento da variância residual. Entretanto, a herdabilidade para o peso ao nascimento não se altera, mantendo-se sempre alta até a primeira semana, decaindo nas idades intermediárias e retomando o crescimento à medida que o animal se aproxima da fase adulta. Assim, recomenda-se a seleção dos animais aos 28 dias de vida, pois é a idade com maior valor da estimativa de herdabilidade após o nascimento.

Para banco de dados que contenha grandes números de gerações de seleção, recomenda-se a utilização apenas das últimas gerações para estimação de componentes de variâncias, pois permite reduzir o erro da estimação, principalmente se as primeiras gerações tiverem maior número populacional, pois vão influenciar na obtenção das estimativas de componentes de variâncias das gerações finais.

2.7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGGREY, S.E.; CHENG, K.M. Estimation of genetic parameters for body weight traits in squab pigeons. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.553–559, 1992.
- 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.
- BALDI, F.; ALENCAR, M.M.; ALBUQUERQUE, L.G.; Random regression analyses using B-splines functions to model growth from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.127, p.433–441, 2010.
- 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.
- CRISPIM, A.C. **Estudo da endogamia e da estrutura de populações de codornas de corte sob seleção**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 56p. Dissertação (M.Sc. em Zootecnia) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, 2013.
- 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.
- GEORG, P.C. **Caracterização de três linhagens de codornas de postura alimentadas com rações de alto e baixo nível de energia metabolizável**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá. 61p. Dissertação (M.Sc. em Zootecnia) Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR, 2007.
- LÁZARO, S.F.; GODINHO, R.F.; FERNANDES, R.F.A.; et al. Heterose do peso corporal ao longo do período de crescimento em duas linhagens de codornas de corte (*Coturnix coturnix*). In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 12., 2012, João Pessoa. **Anais...** Paraíba: Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2012.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetic Selection Evolution**, 33: 1-28, 2001.
- MEYER K.; WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal Zhejiang University Science**, v.8, p.815-821, 2007.
- MINVIELLE, F.; What is quail good for in a chicken world? **World's Poultry Science Journal**, v.65, n.04, p.601-608, 2009.
- PEREIRA, R.J.; BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; et al. Random regression models using Legendre polynomials or linear Splines for test-day milk yield of dairy Gyr (*Bos indicus*) cattle. **Journal of Dairy Science**, v.96, p.565–574, 2013.
- ROVADOSCKI, G.A. **Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em linhagens nacionais de frango caipira**. Piracicaba: Escola

- Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. 109p. Dissertação (M.Sc. em Ciências) Universidade Estadual de São Paulo, Piracicaba – SP, 2013.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; LÔBO, R.N.B.; ALBUQUERQUE, L.G.; et al. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento deovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.8, p.1723-1732, 2010.
- SCHAEFFER L. R., 2009. **Random regression models**. <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/AB_Models/NOTES/RRM14a.pdf>. Acessado em setembro de 2009.
- SILVA, M.A.; **Modelos Lineares Aplicados ao Melhoramento Genético Animal**. 1.ed. Belo Horizonte, 2008. p.322-332.
- SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C.; et al. Evaluation of alternative schemes for recording body weights in meat-type quails by using random regression. **Genetics and Molecular Research**, v.12, n.2, p.1533-1539, 2013.
- SOUSA, J.E.R.; SILVA, M.A.; SARMENTO, J.L.R.; et al. Avaliação da trajetória média de crescimento de caprinos em modelos de regressão aleatória. **Revista Archivos de Zootecnia**, v.59, n.226, p.267-276, 2010.
- SOUSA, J.E.R.; SILVA, M.A.; SARMENTO, J.L.R.; et al. Estimates of covariance functions for growth of Anglo-Nubian goats. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.1, p.106-114, 2011.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM, INSTITUTE INC. SAS/STAT® 9.1 **User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2004, licenciado pela UFV (2013).
- THOLON P.; QUEIROZ, S.A. Utilização de diferentes estruturas de variância residual em modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. **Caatinga**, v.21, n.2, p.37-47, 2008.
- TIGLI, R.; BALCIOGLU, M.S.; YAYLAK, E. Genetic and phenotypic parameters belong to different production traits of Japanese quail. IV. Estimation of heritability belong to body weight from Ebeveyn-offspring resemblance. Trakya Region II. In: **Proceeding...**, Tekirdağ, Turkey, p.274–279, 1997.

3. CONCLUSÕES GERAIS

Os modelos não lineares são importantes por fornecerem respostas rápidas, com informações importantes quanto à forma da curva, apenas utilizando a informação fenotípica, ou seja, não demandam do conhecimento da matriz de relacionamento genético dos animais. Permitem a escolha dos animais com maior velocidade de crescimento, porém necessitam que haja estimação para machos e fêmeas separados. O modelo de Gompertz é o mais adequado para ajustar a curva de crescimento de codornas de corte tanto para machos quanto para fêmeas nos três grupos em ambas as linhagens, obtendo a melhor qualidade de ajuste avaliada pelos indicadores utilizados. Ademais, não é possível utilizar um único modelo não linear, para os três grupos, indicando que há mudanças na curva de crescimento dos animais ao longo das gerações, nas duas linhagens.

Os modelos de regressão aleatória exigem o conhecimento da matriz de relacionamento genético dos animais, por isso, fornecem estimativas mais detalhadas a cerca dos componentes de variância. Entretanto, constituem-se uma análise mais trabalhosa, quando comparados com os modelos não lineares. As análises evidenciaram que a diferença entre os três grupos de gerações para ambas as linhagens reside nos componentes da variância fenotípica. Fazer seleção apenas baseando-se na informação fenotípica pode levar a escolha de animais com menor mérito genético, uma vez que o comportamento da variância genética aditiva modificou ao longo das gerações. Os modelos de regressão aleatória também permitem afirmar o momento ideal para se praticar a seleção, considerando o ponto mais alto da herdabilidade, que nesse estudo, foi obtido no 28º dia de vida dos animais.

Ambos os estudos foram unânimes em afirmar que, para conjunto de

dados que contenha grandes números de gerações de seleção, o ideal é a utilização das informações apenas das últimas gerações, quando se deseja analisar a curva de crescimento dos animais, ao invés de toda a informação contida no conjunto de dados. Essa prática permite reduzir o erro da estimação, principalmente se as primeiras gerações tiverem maior número populacional, o que vai influenciar na obtenção das estimativas de componentes de variâncias das gerações finais.