

CRISTINA MOREIRA BONAFÉ

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

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL

2008

CRISTINA MOREIRA BONAFÉ

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

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

APROVADA: 21 de fevereiro de 2008.

---

Prof. Martinho de Almeida e Silva

---

Prof. José Lindenberg Rocha Sarmiento

---

Prof. Paulo Sávio Lopes  
(Co-Orientador)

---

Prof. Ricardo Frederico Euclides  
(Co-Orientador)

---

Prof. Robledo de Almeida Torres  
(Orientador)

**Aos meus pais, Fernando e Aloênia,  
pelo exemplo de força e trabalho, dedicação e carinho,  
por minha formação e por estarem ao meu lado  
em todos os momentos da minha vida  
dedico este trabalho**

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Programa de Genética e Melhoramento e ao Departamento de Zootecnia pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

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

Ao professor Martinho de Almeida e Silva, pela atenção, apoio e sugestões para o aprimoramento deste trabalho.

Ao professor José Lindenberg Rocha Sarmiento, agradeço muito pela ajuda essencial, principalmente nas análises estatísticas, auxílio na resolução dos problemas e dúvidas, muito obrigada pela paciência, atenção, respeito e amizade.

Aos professores Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides, pela atenção dispensada durante todos estes anos de agradável convivência desde a graduação, obrigada pelo apoio e sugestões para o aprimoramento deste trabalho.

Ao Marcos (2MI2), Gilberto e Felipe pela ajuda, atenção e amizade.

À Geruza, responsável pelos nossos primeiros passos, confecção dos anéis, anilhamento, o primeiro nascimento e pesagem das codornas, obrigada pela ajuda e atenção.

A todos que participaram ativamente do experimento, sem os quais as codorninhas não estariam lá: Rafael, Kelly, Victor (Abreu), Felipe, Luciano, Isabel, Mariele, Carla, Vinicius, Rodrigo, André, Jefferson, Aline, Ana, Marcos, os funcionários da Granja de Melhoramento de Aves e do Incubatório, em especial ao Vicente, “Fizinho” e “Sorriso”, e a todos os que foram ao menos uma vez e ajudaram muito, aos donos dos carros que nos levaram até a Granja por todo esse tempo, que me carregaram de um lado para o outro sempre que eu precisava, obrigada pelo desprendimento: Marcos, Rafael, Roque e Dudu...

Aos amigos do curso de zootecnia, pelas horas de estudo e de companheirismo, amigos que estarão sempre presentes em minha memória. Aos que foram além do curso e se tornaram amigos de casa, companheiros do dia-a-dia: Marcio, Henrique, Eric, Marcos, Cláudio (Tixa), Pati, Kati, Débora, Alysson, Will, Roque, Daniel, Marcela,

Adriana, Karina, Rafael (Moskito), Nicola, Gustavo, Manuel, Claudia, Helô, Leandro, Kleibe e tantos mais, onde o espaço é pouco para agradecer.

Ao Tiago por ter me acompanhado e acalmado no dia da prova do mestrado.

Pessoas que são indispensáveis aos meus dias, sem os quais falta um pedaço de mim: Dudu, Ana, Bebel, Susana, Deisy e Marcos.

Amigas de república que se tornaram minha família, obrigada pelo companheirismo, carinho, paciência e as muitas risadas que nos fizeram rejuvenescer alguns anos: Priscilla, Suelen, Susana, Ana Paula, Roberta, Virgínia, Carla, e Deisy.

Aos meus amigos de SP, que estiveram sempre presentes mesmo que distantes: Andrea, Adriana, Roberta e os pequenos Gustavo e Giovanni, Rogério, Beto, família Mourão, obrigada pela atenção e carinho.

A toda minha família que me ajudou e fortaleceu, contribuindo sempre para a formação do meu caráter: meus avós, tios e tias, primos e primas, vocês são todos muito queridos.

Às minhas irmãs, Elisa, Renata e Juliana, por serem tão especiais em minha vida, me dando a oportunidade de ter uma família linda e feliz.

Aos meus pais, sem os quais eu não teria chegado até aqui, agradeço por tudo que fizeram por mim, pelos sacrifícios, pelo apoio e carinho, agradeço todos os dias por ter nascido em um lar tão amado e abençoado.

A todos que cruzaram meu caminho e trocaram comigo suas experiências, conhecimento, atenção, um olhar de aprovação ou até mesmo um aperto de mão, fazendo assim, parte de mim. Obrigada por tudo.

## **BIOGRAFIA**

Cristina Moreira Bonafé, filha de Fernando Bonafé e Aloênia Moreira Bonafé, natural de São Paulo, SP.

Em abril de 2001 iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica por dois anos, sob orientação dos professores Robledo de Almeida Torres e Ricardo Frederico Euclides, acompanhando pesquisas junto ao Programa de Melhoramento Genético de Aves, vindo depois a fazer parte da criação e desenvolvimento do Programa de Melhoramento Genético de Codornas do Departamento de Zootecnia da UFV.

Em 2006, recebeu o Prêmio Arthur Bernardes de Iniciação Científica, como melhor trabalho do Centro de Ciências Agrárias, apresentado no XV Simpósio de Iniciação Científica da Universidade Federal de Viçosa, sob orientação do Professor Ricardo Frederico Euclides.

Em maio de 2006, graduou em Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa.

Em maio de 2006, iniciou o Mestrado em Genética e Melhoramento, sob orientação do professor Robledo de Almeida Torres, na Universidade Federal de Viçosa.

Em 21 de Fevereiro de 2008, submeteu-se ao exame final de defesa de tese.

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b>	<b>viii</b>
<b>ABSTRACT</b>	<b>ix</b>
<b>INTRODUÇÃO GERAL</b>	<b>1</b>
<b>REVISÃO DE LITERATURA</b>	<b>3</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	<b>11</b>
<b>Capítulo 1</b>	<b>15</b>
<b>Heterogeneidade de Variância Residual em Modelos de Regressão Aleatória na Descrição do Crescimento de Codornas de Corte.</b>	<b>15</b>
<b>Chapter 1</b>	<b>16</b>
<b>Heterogeneity of Variância Residual in Models of Random Regression in the Description of the Quails Meat Growth.</b>	<b>16</b>
<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>17</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b>	<b>19</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	<b>24</b>
<b>CONCLUSÕES</b>	<b>29</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	<b>30</b>
<b>Capítulo 2</b>	<b>32</b>
<b>Modelos de Regressão Aleatória para a descrição da curva de crescimento de codornas de corte</b>	<b>32</b>
<b>Chapter 2</b>	<b>33</b>
<b>Random Regression Models for the Curve Description of the Quails Meat Growth.</b>	<b>33</b>
<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>34</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b>	<b>36</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	<b>38</b>
<b>CONCLUSÕES</b>	<b>47</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	<b>48</b>

## RESUMO

BONAFÉ, Cristina Moreira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2008. **Avaliação do Crescimento de Codornas de Corte Utilizando Modelos de Regressão Aleatória**. Orientador: Robledo de Almeida Torres. Co-Orientadores: Paulo Sávio Lopes e Ricardo Frederico Euclides

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de 26835 e 27447 observações, de 3909 e 4040 codornas de corte das linhagens UFV-1 e UFV-2, respectivamente, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Universidade Federal de Viçosa. A característica peso corporal foi avaliada nas duas linhagens, aos 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, por meio de modelos de regressão aleatória. A modelagem da variância residual foi avaliada primeiramente por meio de classes de idades, agrupadas como se seguem: CL1: homogênea; CL2: 1 e 7-42 dias; CL3: 1, 7 e 14-42 dias; CL4: 1, 7, 14 e 21-42 dias; CL5: 1, 7, 14, 21 e 28-42 dias; CL6: 1, 7, 14, 21, 28 e 35-42 dias; CL7: 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade e, posteriormente, as ordens de ajuste das funções polinomiais de Legendre, aplicadas aos modelos de regressão aleatória, foram gradualmente aumentadas (ordens variando de 3 a 6), visando determinar a ordem mínima de cada efeito aleatório, necessária para descrever as estruturas de (co)variâncias em função do tempo. Comparando as modelagens do resíduo por meio de classes, observaram-se aumentos no  $\text{Log}_e L$ , significativos ( $P < 0,01$ ) pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), com o aumento do número de classes heterogêneas (CL7). De acordo com todos os critérios utilizados para avaliar a qualidade de ajuste, o modelo considerando homogeneidade (CL1) de variâncias residuais mostrou-se inadequado, assim como o modelo de análise unicaracterística (UNI). As estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações foram influenciadas pela modelagem da variância residual e pelo ajuste da função polinomial. A utilização de uma função polinomial de Legendre com as ordens 6 para efeito genético aditivo direto e 5 para efeito permanente de animal, para a linhagem UFV-1 e 6 para ambos efeitos aleatórios para a linhagem UFV-2, devem ser utilizados na avaliação genética da curva de crescimento dessas codornas. Portanto, a utilização de heterogeneidade de variância residual e a ordem de ajuste adequada a cada efeito aleatório para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento de codornas de corte se fazem necessárias.

## ABSTRACT

BONAFÉ, Cristina Moreira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2008.  
**Evaluation of Quail Meat Growth Using Random Regression Models.** Adviser:  
Robledo de Almeida Torres. Co-advisers: Paulo Sávio Lopes and Ricardo Frederico  
Euclides

The data used in this study originates from 26835 and 27447 observations, from 3909 and 4040 meat quails of the UFV-1 and UFV-2 lineage, respectively, pertaining to the Program of Genetic Improvement of Poultry of the Federal University of Viçosa. The characteristic physical weight was evaluated in the two lineages, 1, 7, 14, 21, 28, 35 and 42 days of age, through random regression models. The modeling of the residual variance was evaluated first through classes of age, grouped as follows: CL1: homogeneous; CL2: 1 and 7-42 days; CL3: 1, 7 and 14-42 days; CL4: 1, 7, 14 and 21-42 days; CL5: 1, 7, 14, 21 and 28-42 days; CL6: 1, 7, 14, 21, 28 and 35-42 days; CL7: 1, 7, 14, 21, 28, 35 and 42 days old and, subsequently, the adjustment order of the Legendre polynomial functions applied to the random regression models, were gradually increased (orders varying from 3 to 6), aiming to determine the least order of each random effect, which is necessary to describe (co)variance structures in function of time. Comparing the residue models through classes, increases were found in  $\text{Log}_e L$ , significant ( $P < 0,01$ ) to the Likelihood Ratio Test (LRT), with an increase in the number of heterogeneous classes (CL7). In accordance with all the criteria used to evaluate the adjustment quality, the model considering homogeneity (CL1) of residual variances appeared unsuitable, as well as unicharacteristic (UNI) analysis model. The variance estimates, heritability and correlations were influenced by the modeling of the residual variance and by the polynomial adjustment function. The use of a Legendre polynomial function with orders 6 for a straight additive genetic effect and 5 for a constant animal effect, for lineage UFV-1 and 6 for both random effects on lineage UFV-2, must be used in the genetic evaluation of the growth curve of these quails. So, the heterogeneity use of residual variance and the appropriate adjustment order to each random effect to model the variances associated to the curve of the growth quail meat if it is necessary.

## INTRODUÇÃO GERAL

A produção e o consumo de ovos de codornas têm evoluído nos últimos anos, mas a criação de codornas para corte ainda enfrenta problemas de manejo, nutrição e sanidade. Isto resulta em perdas na produção e impossibilita a expressão do potencial genético dos animais. Apesar do crescente e recente interesse na atividade, ainda há poucas linhagens nacionais com características produtivas adequadas à produção de carne no ambiente tropical.

A carne de codorna é apreciada em vários países da Ásia, Europa, além dos Estados Unidos da América e Canadá. Na Europa a codorna foi selecionada para produção de carne e atualmente as aves melhoradas atingem 260 a 280 gramas ao abate.

No Brasil, a produção de codornas é predominantemente voltada para produção de ovos, pois a falta de material genético adequado, a precariedade de dados sobre o desempenho e as exigências nutricionais em regiões tropicais, fazem com que os criadores explorem a produção de carne de forma pouco organizada e empírica, sendo grande parte da carne consumida no país originada de animais de descarte, como machos e fêmeas no final da produção de codornas de postura.

A coturnicultura é atividade com grande potencial de expansão, uma vez que demanda pouco espaço, baixa mão-de-obra, menor investimento inicial e reduzido consumo de ração. Em contrapartida, a sua expansão merece destaque e importância social pela geração de empregos e por ser uma grande alternativa de produção de proteína para a população. Pode-se ainda citar que as codornas são aves de fácil manejo, bastante resistente a doenças e capazes de apresentar até cinco gerações em um ano, o que além de rápido retorno econômico, proporciona pequeno intervalo de gerações e maior possibilidade de ganho genético por ano quando comparado a outras espécies.

Codornas podem ser usadas como animais piloto para pesquisa em aves domésticas, podendo ser aplicadas como simuladores biológicos, em função da precocidade sexual (40-42 dias), pequeno intervalo de geração, facilidade de manejo, reduzido requerimento de espaço, rápido crescimento, grande habilidade de postura e curto período de incubação dos ovos (17 dias).

Para se obter material genético de qualidade, são necessários programas de melhoramento bem fundamentados, embasados em parâmetros genéticos acurados e precisos. Neste sentido, a utilização de métodos que consigam incorporar toda a

informação de um animal e que possibilitem utilizar dados observados, em substituição aos estimados, com vistas a incrementar a acurácia, as possibilidades de seleção e melhoramento genético, são estratégia poderosa, particularmente facilitada pelos avanços ocorridos na área de informática.

A utilização de uma variável resposta de dimensão finita (por exemplo, peso vivo de um animal ajustado a uma idade padrão) em comparação com as variáveis originalmente repetidas ao longo do tempo (dimensão infinita, por exemplo, pesos em diferentes idades), a partir da qual se estima a variável de dimensão finita, tem sido questionada nas últimas décadas.

O uso de modelos de regressão aleatória tem sido proposto como alternativa para modelar características de crescimento, que são medidas repetidas na vida dos animais, sendo consideradas como dados longitudinais. Em contraste com os modelos multi-características, que fornecem predições para determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer ponto desejado na escala de tempo utilizada e para funções da curva. Com isto, permitem melhor utilização dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para avaliação do mesmo, com potencial aumento da acurácia de seleção.

Os programas de melhoramento animal necessitam de constante acompanhamento das características de importância econômica de cada linhagem. A partir destes estudos, são estabelecidos critérios de seleção para garantir a renovação dos plantéis com animais de maior potencial genético, geração após geração.

Desta forma, objetivou-se com este estudo comparar diferentes modelos de regressão aleatória, ajustados por funções polinomiais de Legendre, para estimação de componentes de (co)variância, comparar o ajuste das variâncias residuais por meio de classes heterogêneas, verificar funções de diferentes ordens para os efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise e constatar a mais apropriada para os estudos genéticos da curva de crescimento de codornas de corte.

## REVISÃO DE LITERATURA

No intuito de atender a demanda de mercado por carnes diferenciadas, o consumo da carne de codorna tem sido bastante difundido. Na maioria das regiões brasileiras a carne de codornas, ainda é considerada um produto exótico, tem boa aceitação, porém, devido à baixa produção nacional a oferta no mercado é reduzida e, como consequência, o preço é elevado. Scatolini, Boiago *et al.*(2006), enfatizam que a produção de codornas especializadas para corte é uma excelente fonte alternativa de proteína (22%) para um mercado consumidor cada vez mais exigente em produtos saudáveis e de qualidade (Murakami, Garcia *et al.*, 2007).

Até recentemente não se praticava no Brasil a criação de codornas para abate. A espécie mais difundida no país ainda é a *Coturnix coturnix japonica*, linhagem de baixo peso, utilizada exclusivamente com o objetivo de produção de ovos, destinadas ao abate das fêmeas em final de postura. Em consequência, as carcaças obtidas são muito pequenas: entre 70 e 130g, e a carne é dura para os padrões de consumo nacionais. Alguns produtores estão criando uma linhagem de codorna especializada para abate, a *Coturnix coturnix coturnix*, também conhecida como codorna francesa ou européia. Apesar de fenotipicamente bastante semelhante à japonesa, as européias são maiores (peso vivo de 200 a 300g), possuem uma coloração mais viva, têm temperamento nitidamente mais calmo (característico de animais destinados ao abate), tanto em gaiolas como em piso, o peso e o tamanho dos ovos são um pouco maiores, embora a idade de maturidade sexual seja praticamente a mesma da codorna de postura (Rezende, 2004).

Em função do mercado globalizado e da grande concorrência, os produtores devem reduzir os custos de produção para que se obtenham produtos mais competitivos. Em frangos e em codornas de corte, dependendo do segmento de produção, as características de interesse serão diferentes: melhorar a postura, a eclosão, o peso adulto e o consumo alimentar das matrizes são de interesse da companhia de melhoramento e dos matrizeiros; crescimento, eficiência alimentar e viabilidade são de interesse do criador; por outro lado, rendimento, gordura, porcentagem de cortes nobres e defeitos da carcaça são determinantes para o abatedouro e, finalmente, a aparência visual da carcaça e dos corte nobres são de interesse do próprio consumidor. Grandes avanços

relacionados ao ganho de peso em frangos têm sido atribuídos a herdabilidade que é considerada de moderada a alta ( $h^2=0,40$ ) e a alta intensidade de seleção.

Em codornas a herdabilidade para peso corporal tem variado. Hidalgo, Martins *et al.*(2007) estudando codornas de postura, estimaram herdabilidades de 0,78, 0,84 e 0,85 para pesos corporais aos 70, 100 e 130 dias de idade, respectivamente. Avaliando duas linhagens de codornas de corte no período de crescimento, Wenceslau, Corrêa *et al.*(2007), obtiveram herdabilidades de 0,27 a 0,42, para duas linhagens, concluindo que as estimativas de alta e média magnitude, para os dois grupos genéticos, indicam que estes animais podem ser selecionados em idade inferior a 42 dias, respondendo bem à seleção individual.

Collins, Swanson *et al.*(1968), utilizando dois grupos genéticos de codornas, promoveram a seleção entre famílias para peso corporal na terceira semana de idade em codornas japonesas e encontraram estimativas de herdabilidade de 0,18 e 0,38 (regressão filho-pai) e herdabilidade realizada de 0,34 e 0,68, para os dois grupos genéticos mantidos sob seleção.

Sadjadi e Becker(1980) obtiveram estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para peso corporal e gordura abdominal removida cirurgicamente em codornas do gênero Coturnix. Estes autores também observaram que as progênies, cujos pais tiveram a gordura abdominal removida, foram mais pesadas aos 58 dias de idade que os pais nesta mesma idade e apresentavam 2,53 g (machos) e 1,31 g (fêmeas) de gordura abdominal a mais quando comparadas aos pais. As estimativas de herdabilidade para peso corporal foram  $0,74 \pm 0,21$  (regressão filho-pai),  $0,69 \pm 0,22$  (regressão filha-pai),  $0,67 \pm 0,18$  (análise de irmãos completos para machos) e  $0,73 \pm 0,18$  (análise de irmãos completos para fêmeas).

As codornas para corte apresentam taxa de crescimento e peso final muito maior que as de postura, o que permite atingirem peso adequado ao abate em idade bastante precoce. Segundo Marks(1991), um dos fatores que contribui para este crescimento rápido é o maior consumo de alimentos nos primeiros estádios de vida. Este autor observou que a correlação entre velocidade de crescimento e consumo de ração é alta em várias aves domésticas, entre elas frangos e codornas de corte.

Mori, Garcia *et al.*(2005) avaliaram quatro linhagens de codornas de corte, encontrando boa aptidão para produção de carne, com diferenças em relação ao peso vivo e ganho médio de peso. Os grupos genéticos estudados apresentaram diferenças

para porcentagem de pernas, asa, dorso e carne de peito. As variabilidades existentes para as características de desempenho e rendimento de carcaça das linhagens estudadas permitem trabalho de seleção e melhoramento genético para a produção de codornas de corte.

Diversos autores constataram diferenças de peso entre linhagens de codornas selecionadas para corte (Lepore e Marks, 1971; Campion, Marks *et al.*, 1982; Baumgartner, Kociova *et al.*, 1985; Caron, Minvielle *et al.*, 1990; Marks, 1993; Oguz, Altan *et al.*, 1996), ao observarem variações de 113,4 g até 217,0g aos 56 dias de idade. (Nestor, Bacon *et al.*, 2002), estudando o efeito da seleção para aumento de ganho de peso em seis linhagens de codornas japonesas, obtiveram valores para machos e fêmeas, respectivamente, às quatro semanas, de 213,1 e 225,0g. A conversão, a eficiência alimentar e o ganho de peso são significativamente afetados pela linhagem ou variedade das aves (Panda, Ahuja *et al.*, 1987; Marks, 1991; Ardiningsasi, Maeda *et al.*, 1992; Michalska e Korzynska-Nowak, 1992; Steigner, Nestor *et al.*, 1992; Marks, 1993).

Ton, *et al.*(2006) encontrou médias de pesos corporais e seus desvios padrões de  $9,11 \pm 0,99$ ;  $35,22 \pm 4,34$ ;  $82,31 \pm 9,44$ ;  $144,88 \pm 13,84$ ;  $185,91 \pm 16,03$  e  $241,95 \pm 26,18$ , respectivamente, para peso ao nascimento, 7, 14, 21, 28 e 35 dias de idade. Os valores para peso corporal do nascimento aos 35 dias de idade são bem superiores aos encontrados por Rezende, Martins *et al.*(2005), em codornas de postura, isso mostra um diferencial na linhagem desenvolvida para animais de corte.

Além da relevância da linhagem sobre o desempenho produtivo, os efeitos de sexo são também aparentes sobre as características de carcaça. Caron, Minvielle *et al.*(1990) salientam que machos mais pesados produzem carcaças mais pesadas, enquanto fêmeas mais pesadas são aquelas mais maduras sexualmente, por isso, possuem aparelho reprodutivo mais pesado. Oguz, Altan *et al.*(1996) relatam que, em razão do dimorfismo sexual durante o período de crescimento em aves, machos possuem peso maior que fêmeas. Entretanto, em codornas, as fêmeas são mais pesadas que os machos, diferença que ocorre por volta da terceira e quarta semana de idade, sendo atribuída pelo peso dos ovários e fígado.

Baumgartner, Kociova *et al.*(1985) verificaram melhor rendimento de peito em linhagem de codornas destinadas à produção de carne que em linhagens voltadas para produção de ovos. Rendimentos de pernas, asas e coxas foram semelhantes para as duas linhagens. Caron, Minvielle *et al.*(1990) encontraram melhores rendimentos de peito e

pernas para linhagens selecionadas em relação ao grupo controle e Oguz, Altan *et al.*(1996) não obtiveram diferenças nos rendimentos de peito e pernas entre linhagens.

Du Preez e Sales(1997) estabeleceram uma curva de crescimento do nascimento aos 104 dias, em codornas Européias (*Coturnix coturnix coturnix*), utilizando a equação de Gompertz, citado pelos autores. Os resultados mostraram diferenças no crescimento entre os sexos, sendo  $148,0 \pm 3,00$  (machos) e  $191,9 \pm 5,35$  (fêmeas) os pesos assintóticos estimados. Os machos atingiram o máximo crescimento aos  $13,4 \pm 0,33$  dias, enquanto que as fêmeas atingiram aos  $16,4 \pm 0,46$  dias. Os autores registraram também, o consumo de ração acumulado e concluíram que um “plateau” no consumo alimentar diário ocorreu, aproximadamente, quando o máximo peso foi atingido.

Codornas Européias apresentam rápido crescimento até 21 dias de idade, provavelmente o período de maior deposição de proteínas e água na carcaça, depois a taxa de crescimento diminui e o ganho passa a ter um retorno progressivamente decrescente, com maior deposição de gordura em vísceras e retenção de nutrientes no ovário-oviduto, e maior exigência de energia dietética. Aos 21 dias, o peso das codornas pesadas se aproxima de 200g, ou seja, cerca de 25 vezes o peso da codorna de 1 dia de idade (aproximadamente 8g) (Silva, Costa *et al.*, 2007). As fêmeas de linhagens de codornas pesadas apresentam peso 10% maior que os machos da sexta a oitava semana de vida e devem ser abatidas mais cedo para evitar maiores perdas com o descarte de vísceras não comestíveis e órgãos reprodutivos (Silva, Silva *et al.*, 2006).

Segundo Lopes(2004) a eficiência dos programas de melhoramento depende da precisão com que os indivíduos submetidos à seleção são avaliados. No melhoramento animal, é importante a avaliação do valor genético, visando identificar os melhores indivíduos, que serão os pais da próxima geração, e quantificar a contribuição destes para o ganho genético. A eficiência da avaliação genética depende de inúmeros fatores, podendo-se destacar o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e a metodologia adotada.

Medidas repetidas de um mesmo indivíduo têm sido analisadas sob diferentes aspectos metodológicos. As abordagens mais utilizadas são os modelos de repetibilidade, que consideram todas as medidas como sendo o mesmo caráter, ou com modelo de uni ou multicaráter, que considera cada medida como um caráter diferente (Johnston e Bunter., 1996; Pereira, Eler *et al.*, 2000).

O modelo de repetibilidade pode não acomodar a heterogeneidade de variâncias e o padrão geral das correlações decrescentes, conforme aumenta o intervalo de medidas, e, portanto, não ser adequado para descrever as covariâncias genéticas dos desempenhos. Por outro lado, o modelo multirater, com o número de caracteres igual ao número de medidas nas diferentes idades, resultaria em análises altamente parametrizadas (Mercadante, Packer *et al.*, 2002).

Os modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido propostos como uma alternativa para modelar características longitudinais e têm sido amplamente estudados em algumas espécies de animais domésticos. Uma diferença entre os modelos de regressão aleatória e os tradicionais modelos animais (repetibilidade e multiraterística) está na inclusão de colunas de co-variáveis na matriz de incidência dos efeitos aleatórios, em substituição às colunas de zero e um. Em comparação aos modelos multiraterística, que fornecem previsões para determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a previsão de valores genéticos para qualquer ponto da curva de crescimento e para funções da curva (Sarmento, 2007).

Os MRA acomodam registros repetidos para caracteres que mudam gradualmente ao longo do tempo, não requerendo pressuposições quanto à constância das variâncias e correlações (Meyer, 2000) e tem sido usado no melhoramento animal para modelar registros diários de produção de leite, durante a lactação de bovinos leiteiros, assim como no crescimento corporal em bovinos de corte (Meyer, 1999; , 2000; Albuquerque e Meyer, 2001).

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

Meyer(2004), em um estudo de simulação para quantificar o aumento na acurácia da avaliação genética de bovinos de corte pela implementação dos modelos de regressão aleatória, comenta que tais modelos são uma alternativa óbvia e preferencial, pois remove não somente os limites atuais do número de registros de desempenho por animal como também elimina a necessidade de correção pela idade, fornecendo estimativas do mérito genético para todas as idades. Neste estudo, a autora encontrou aumento na

acurácia da avaliação do crescimento de bovinos de corte quando substituiu o modelo de múltiplas características pelos modelos de regressão aleatória.

Akbas, Takma *et al.*(2004) utilizando modelos de regressão aleatória para estimar parâmetros genéticos em codornas, concluíram que polinômios ortogonais de Legendre de sexta ordem foram suficientes para modelar as (co)variâncias genética aditiva, fenotípica e de ambiente permanente. As estimativas de herdabilidade encontradas foram 0,007, 0,39, 0,45, 0,58, 0,61, 0,55 e 0,44, para as 7 primeiras semanas de vida, sendo que a quinta semana apresentou a maior herdabilidade (0,61). As correlações encontradas entre os pesos foram todas positivas sugerindo que a seleção para peso pode ser feita em aves mais jovens.

Dionello, Corrêa *et al.*(2006) avaliando duas linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória, encontraram herdabilidade baixa no início da vida das aves, resultados similares, porém menores que os observados por Collins, Swanson *et al.*(1968), sugerindo que a seleção para peso corporal não seja feita no período inicial, mas sim na fase média do período de crescimento (21 e 35 dias de idade).

Vários trabalhos têm sido desenvolvidos utilizando regressões sobre polinômios de Legendre em bovinos de corte. Estes modelos não requerem pressuposição alguma sobre a forma da curva de crescimento, entretanto, algumas pesquisas têm reportado que os mesmos requerem ajuste de alto grau, conseqüentemente, faz-se necessário a estimação de um grande número de parâmetros. Outro aspecto importante relacionado com as altas ordens polinomiais, comumente ajustadas em análises de regressão aleatória, é que, notoriamente, apresentam comportamento irregular (as covariâncias apresentam superfícies sinuosas), ou seja, podem resultar em estimativas irreais e problemas de convergência, em particular nos limites da amplitude de idades consideradas (Meyer, 2003). Todavia, Meyer(2004) comenta que problemas observados na estimação de componentes de covariância para modelos de regressão aleatória podem ser minimizados se uma maior proporção de animais possuírem um número mínimo de observações igual a ordem do polinômio a ser ajustada para os efeitos de animal.

Queiroz *et al.*(2004), compararam valores genéticos preditos para características de crescimento em bovinos Guzerá, por modelos de regressão aleatória sob polinômios de Legendre e modelos unicaracterística padrão, as correlações encontradas variaram de

0,25 a 0,48 (positivas e de baixa a moderada magnitude), sugerindo diferenças de classificação dos animais quando os dois modelos são comparados. Tal estudo permitiu concluir que os melhores animais escolhidos pelo modelo de regressão aleatória apresentam classificação diferente daqueles destacados pelas análises unicaracterística. O modelo empregando regressão aleatória, diferente das análises unicaracterística, discriminou, ao longo dos anos, ganhos genéticos positivos na população. Diferentemente, Nobre (2001), trabalhando com pesos de bovinos Nelore, encontrou correlações entre valores genéticos de análise multicaracterística e de regressão aleatória variando de 0,80 a 0,89. Já Albuquerque e El Faro (2003), também trabalhando com pesos de Nelore, relataram correlações variando de 0,64 a 0,87.

El Faro e Albuquerque(2003) comentam que um conceito que vem sendo abordado quando se trabalha com MRA diz respeito às funções de covariância (FC). As FC foram propostas por Kirkpatrick et al.(1990) para a análise de dados longitudinais, por exemplo, medidas de crescimento ou lactação e, segundo estes autores, são equivalentes às matrizes de covariâncias dos modelos multivariados de dimensão finita. Segundo El Faro e Albuquerque(2003), o grande interesse em relação às FC para a modelagem de dados longitudinais é que elas permitem descrever mudanças graduais das covariâncias com o passar do tempo, e prever variâncias e covariâncias para os pontos ao longo de uma trajetória, mesmo que haja pouca ou nenhuma informação entre os pontos. Os MRA/FC permitem a modelagem dos efeitos aleatórios, utilizando funções polinomiais lineares e, além disso, permitem considerar heterogeneidade de variâncias residuais em cada controle. A modelagem considerando as variâncias residuais heterogêneas para cada classe pode melhorar a partição da variação total, mas proporciona um aumento no número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança. O número elevado de parâmetros dos modelos, a estrutura de covariâncias e o fato de as matrizes de incidência serem mais densas que para os modelos convencionais, podem dificultar a convergência na estimação dos componentes de variância, sendo entraves para a utilização desta metodologia para avaliações genéticas em conjuntos com grande volume de dados. Têm-se testado algumas alternativas para se obter MRA mais parcimoniosos, sem que haja perda na qualidade de ajustes dos efeitos aleatórios.

Modelos de regressão aleatória são procedimentos alternativos para análises de medidas repetidas. Esses modelos usam regressão fixa para descrever a curva média de

lactação ou a curva de crescimento, e a regressão aleatória para explicar os desvios da regressão fixa de cada animal. Isso permite que registros repetidos coletados do animal possam ser diretamente incorporados a avaliações genéticas e, desde que o modelo animal seja ajustado, os resultados na curva predita de lactação ou crescimento podem ser herdáveis.

Funções de covariância é uma outra metodologia adequada para descrever variações genéticas e fenotípicas para características de dimensão infinita (Meyer, 1999). Funções de covariância genética aditiva podem ser aproximadas pela utilização de funções ortogonais como os polinômios de Legendre (Kirkpatrick, Lofsvold *et al.*, 1990) ou outras covariáveis definidas como regressões aleatórias no tempo.

Utilizando análise clássica os coeficientes de regressão são geralmente utilizados como fixos para a descrição da inclinação da curva ou da inclinação dentro de algumas classes fixas. Entretanto, os coeficientes de regressão aleatória podem ser ajustados para cada indivíduo, de modo a permitir a variação individual na forma da trajetória (Meyer, 1999). Assim, os modelos de regressão aleatória descrevem os desvios genéticos a partir da regressão fixa, permitindo que cada animal tenha um formato diferente da curva de crescimento em um nível genético.

De modo geral, percebe-se que a literatura ainda é muito escassa em relação à estudos de características de crescimento de codorna de corte, fazendo-se necessário o emprego de metodologias de estudos genéticos, buscando esclarecer a ordem apropriada de ajuste das funções polinomiais para os diferentes efeitos aleatórios e a melhor estrutura de variância para modelar os resíduos, empregando modelos de regressão aleatória.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akbas, Y., Ç. Takma, *et al.* Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. South African Journal of Animal Science, v.34, n.2, p.104-109. 2004.
- Albuquerque, L. G. e L. El Faro. Predição de valores genéticos para características de crescimento em bovinos nelore usando modelos de regressão aleatória. Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. Santa Maria (RS): Anais... Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003 (CD-ROM), 2003. p.
- Albuquerque, L. G. e K. Meyer. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. Journal of Animal Science, v.79, p.2776 – 2789. 2001.
- Ardiningsasi, S. M., Y. Maeda, *et al.* Comparative studies of body weight, tibia length and abdominal fat weight among lines selected for body size in japanese quail *Coturnix coturnix japonica*. . Japanese Poultry Science, v.29, n.5, p.310-315. 1992.
- Baumgartner, J., E. Kociova, *et al.* Carcass and nutritive value of japanese quail. Roczniki Naukowe Zootechniki. 12: 171-178 p. 1985.
- Campion, D. R., H. L. Marks, *et al.* Composition and muscle cellularity of japanese quail after selection for high body weight under an optimal or suboptimal nutritional environment. . Poultry Science. 61: 212-217 p. 1982.
- Caron, N., F. Minvielle, *et al.* Mass for 45 day body weight in japanese quail: selection response carcass composition, cooking properties, and sensory characteristics. Poultry Science. 69: 1037-1045 p. 1990.
- Collins, W. M., J. M. Swanson, *et al.* Selection for body weight at three weeks of age in coturnix. Poultry Science. 47: 1661 p. 1968.
- Dionello, N. J. L., G. S. S. Corrêa, *et al.* Efeitos maternos e permanentes na avaliação genética de linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. João Pessoa, PB: Anais... João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006 (CD-ROM), 2006. p.
- Du Preez, J. J. e J. Sales. Growth rate of different sexes of the European quail (*Coturnix coturnix*). British Journal of Poultry Science, v.38, p.314-315. 1997.
- El Faro, L. e L. G. Albuquerque. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. Revista Brasileira de Zootecnia. 32: 1104-1113 p. 2003.
- Hidalgo, A., E. N. Martins, *et al.* Parâmetros genéticos para peso do ovo e peso corporal em codornas de postura. Simpósio Internacional de Coturnicultura. Lavras, MG: Anais

do 3º Simpósio Internacional de Coturnicultura e 2º Congresso Brasileiro de Coturnicultura, 2007. p.

Johnston, D. J. e K. L. Bunter. Days to calving in Angus cattle: genetic and environmental effects, and covariances with other traits. Livestock Production Science. 45: 13-22 p. 1996.

Kirkpatrick, M., D. Lofsvold, *et al.* Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. Genetics, v.124, p.979-993. 1990.

Lepore, P. D. e H. L. Marks. Growth rate inheritance in japanese quail: 4. Body composition following four generation of selection under different nutritional environments. Poultry Science. 50: 1191-1193 p. 1971.

Lopes, P. S. Perspectivas do melhoramento genético de suínos. 41º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. Campo Grande, MS: Anais...Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia (CD-ROM), 2004. p.

Marks, H. L. Feed efficiency changes accompanying selection for body weight in chickens and quail. World's Poultry Science Journal. 47: 197-212 p. 1991.

\_\_\_\_\_. Carcass composition, feed intake, and feed efficiency following longterm selection for 4-week body weight in Japanese quail. Poultry Science. 72: 1005-1011 p. 1993.

Mercadante, M. E. Z., I. U. Packer, *et al.* Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. Revista Brasileira de Zootecnia. 31: 1726 – 1733 p. 2002.

Meyer, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. Journal of Animal Breeding and Genetics, v.116, p.181-205. 1999.

\_\_\_\_\_. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. Livestock Production Science. 65: 19-38 p. 2000.

\_\_\_\_\_. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. Livestock Production Science. 86: 69-83 p. 2003.

\_\_\_\_\_. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. Livestock Production Science. 86: 69-83 p. 2004.

Michalska, E. e R. Korzynska-Nowak. Growth of japanese quail in relation to generation, parentage and sex. Prace i Materialy Zootechniczne, v.42, p.91-101. 1992.

Mori, C., E. A. Garcia, *et al.* Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para produção de carne. Revista Brasileira de Zootecnia. 34: 870-876 p. 2005.

Murakami, A. E., E. R. M. Garcia, *et al.* Composição e características organolépticas da carne de codornas. 3º Simpósio Internacional de Coturnicultura e 2º Congresso Brasileiro de Coturnicultura. Lavras, MG: Anais do 3º Simpósio Internacional de Coturnicultura e 2º Congresso Brasileiro de Coturnicultura, 2007. p.

Nestor, K. E., W. L. Bacon, *et al.* Effect of selection for increased body weight and increased plasma yolk precursor on developmental stability in japanese quail. Poultry Science. 81: 160-168 p. 2002.

Nobre, P. R. C. Analyses of sequential weigths of Nelore cattle using multiple trait and random regression models. (Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento)). Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2001. 145 p.

Oguz, I., O. Altan, *et al.* Body weights, carcass characteristics, organ weights, abdominal fat and lipid content of liver and carcass on two lines of japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four week body weight. British Poultry Science. 37: 579-588 p. 1996.

Panda, B., S. D. Ahuja, *et al.* Quail production technology. Izatnagar: Central Avian Research Institute: Izatnagar: Central Avian Research Institute 31 p. 1987.

Pereira, E., J. P. Eler, *et al.* Correlação genética entre perímetro escrotal e algumas características reprodutivas na raça Nelore. Revista Brasileira de Zootecnia. 29: 1676 – 1683 p. 2000.

Queiroz, S. A., L. C. Pelicioni, *et al.* Valores genéticos preditos para características de crescimento de bovinos Guzerá, utilizando modelos unicaracterística e de regressão aleatória. 41º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. Campo Grande, MS: Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004 (CD-ROM), 2004. p.

Rezende, M. J. M., Et Al. Desempenho produtivo e biometria das vísceras de codornas francesas alimentadas com diferentes níveis de energia metabolizável e proteína bruta. Acta Scientiarum. Maringá. 26: 353-358 p. 2004.

Rezende, R. O., E. N. Martins, *et al.* Variance components for body weight in japanese quails. Revista Brasileira de Ciência Avícola, v.7, n.1, p.23-25. 2005.

Sadjadi, M. e W. A. Becker. Heritability and genetic correlations of body weight and surgically removed abdominal fat in coturnix quail. Poultry Science. 59: 1977-1984 p. 1980.

Sarmiento, J. L. R. Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007. 101 p.

Scatolini, A. M., M. M. Boiago, *et al.* Qualidade da carne de codornas (*Coturnix coturnix japonica*) machos de postura alimentados com diferentes níveis de proteína e energia. Revista Brasileira de Ciência Avícola. 8: 151 p. 2006.

Silva, E. L., J. H. V. Silva, *et al.* Redução dos níveis de proteína e suplementação aminoacídica em rações para codornas européias (*Coturnix coturnix coturnix*). Revista Brasileira de Zootecnia. 35: 822-829 p. 2006.

Silva, J. H. V., F. G. P. Costa, *et al.* Exigências Nutricionais de codornas. Simpósio Internacional de Coturnicultura. Lavras, MG: Anais do 3º Simpósio Internacional de Coturnicultura e 2º Congresso Brasileiro de Coturnicultura, 2007. 44-64 p.

Steigner, J. W., K. E. Nestor, *et al.* Growth and development of lines of japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) divergently selected for body weight at 4 weeks of age. Comparative Biochemistry and Physiology, v.102, n.2, p.389-393. 1992.

Ton, A. P. S., E. N. Martins, *et al.* Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para o peso corporal em codornas de corte. 43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. João Pessoa, PB: Anais...João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia (CD ROM), 2006. p.

Wenceslau, R. R., G. S. S. Corrêa, *et al.* Correlação genética e herdabilidade de pesos vivos de codornas de corte avaliados no período de crescimento. Simpósio Internacional de Coturnicultura. Lavras, MG: Anais do 3º Simpósio Internacional de Coturnicultura e 2º Congresso Brasileiro de Coturnicultura, 2007. p.

## Capítulo 1

### **Heterogeneidade de Variância Residual em Modelos de Regressão Aleatória na Descrição do Crescimento de Codornas de Corte.**

**Resumo:** Objetivou-se com este trabalho comparar a influência da heterogeneidade da variância residual nos parâmetros genéticos estimados para a curva de crescimento de codornas de corte. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de 26835 e 27447 observações, de 3909 e 4040 codornas de corte das linhagens UFV-1 e UFV-2, respectivamente, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Foi avaliado o peso corporal nas duas linhagens, nos dias 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, por meio de modelo animal em regressão aleatória. Na modelagem foram consideradas as variâncias residuais em classes de idades: CL1: homogênea; CL2: 1 e 7-42 dias; CL3: 1, 7 e 14-42 dias; CL4: 1, 7, 14 e 21-42 dias; CL5: 1, 7, 14 e 21 e 28-42 dias; CL6: 1, 7, 14, 21, 28 e 35-42 dias; CL7: 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade. Observou-se aumento no  $\text{Log}_e L$ , significativo ( $P < 0,01$ ) pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), com o aumento do número de classes heterogêneas (CL7). O modelo que considerou homogeneidade (CL1) de variância residual mostrou-se inadequado. As estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações foram influenciadas pela modelagem da variância residual. A utilização de heterogeneidade de variância residual para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento das codornas de corte é necessária.

**Palavras Chave:** Herdabilidade, heterogeneidade de variância, modelo animal, codorna de corte, parâmetro genético.

## Chapter 1

### Heterogeneity of Variância Residual in Models of Random Regression in the Description of the Quails Meat Growth.

**Abstract:** The aim of this work was to compare the residual heterogeneity variance influence on the genetic parameters estimated for the curve of quail meat growth. The data used in this study originated from 26835 and 27447 observations, from 3909 and 4040 quail cuts of the UFV-1 and UFV-2 lineage, respectively, pertaining to the Genetic Improvement of Birds Program at the Federal University of Viçosa. The physical weight was evaluated in the two lineages, at 1, 7, 14, 21, 28, 35 and 42 days of age, through an animal model at random regression. In the modeling there were residual variances considered in the age classes of: CL1: homogeneous; CL2: 1 and 7-42 days; CL3: 1, 7 and 14-42 days; CL4: 1, 7, 14 and 21-42 days; CL5: 1, 7, 14 and 21 and 28-42 days; CL6: 1, 7, 14, 21, 28 and 35-42 days; CL7: 1, 7, 14, 21, 28, 35 and 42 days of age.  $\text{Log}_e L$  showed an increase in itself, significantly ( $P < 0.01$ ), for the likelihood ratio test (LRT), with an increase in the number of heterogeneous classes (CL7). The model that was considered residual variance homogeneity (CL1) appeared unsuitable. The variance estimates, heritability and correlations were influenced by the modeling of the residual variance. The heterogeneity use of residual variance to model the variances associated with the growth curve of quail meat is necessary.

**Key words:** Heritability, variance heterogeneity, animal model, quail meat, genetic parameter.

## INTRODUÇÃO

Tendo em vista que funções matemáticas poderiam ser empregadas na descrição dos efeitos aleatórios de características, cujos valores fenotípicos são medidos ao longo do tempo, Schaeffer e Dekkers(1994) propuseram a utilização dos Modelos de Regressão Aleatória (MRA) (Henderson Jr., 1982) na aplicação, para avaliação genética, de características longitudinais, como o crescimento. Uma diferença entre os MRA e os tradicionais modelos de repetibilidade está na inclusão de colunas de covariáveis nas matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, em substituição às colunas de zero e um. Admitem o ajuste de curvas de crescimento aleatórias para cada indivíduo, obtendo estruturas de variâncias e covariâncias entre as diferentes medidas por meio de funções de covariâncias, normalmente ajustadas por meio de polinômios ortogonais de Legendre para os efeitos aleatórios de interesse e permite a modelagem da variância residual sob diferentes classes heterogêneas. Os MRA consideram que as variâncias podem ser alteradas em decorrência do tempo, além de permitir a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o parentesco entre os animais, podendo utilizar as informações dos animais com apenas uma pesagem.

Vários trabalhos mostram a necessidade de se considerar heterogeneidade de variâncias residuais em modelos de regressão aleatória (Lewis e Brotherstone, 2002; Sarmiento, 2007, em ovinos de corte), (El Faro e Albuquerque, 2003, em bovinos de leite), (Meyer, 2000, em bovinos de corte). Para características de crescimento, estas variâncias em bovinos e ovinos de corte tendem a aumentar com a idade, como verificado por Meyer(2001) e Fischer, *et al.*(2004). Desta forma, a modelagem da curva de crescimento considerando a variância residual heterogênea em função da idade pode melhorar a partição da variância fenotípica, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. Por outro lado, o emprego de variâncias residuais heterogêneas implica no aumento do número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança, o que pode dificultar a utilização dos modelos de regressão aleatória em avaliações genéticas com grandes volumes de dados. Neste sentido, busca-se a utilização de modelos mais parcimoniosos, sem perda da qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios considerados. Desta forma, diversos estudos propõem a modelagem das variâncias residuais por meio de classes

heterogêneas ou funções de variância residuais, empregando polinômios ortogonais de Legendre ou ordinários (Meyer, 1999; , 2001).

Os poucos trabalhos com codornas de corte encontrados na literatura consultada assumiram homogeneidade de variância residual. Akbas, *et al.*(2004) e Dionello, *et al.*(2006), estimaram parâmetros genéticos para codornas de corte, assumindo variância residual constante para todas as idades.

Desta forma, objetivou-se com este trabalho, comparar a influência da heterogeneidade da variância residual, na estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos, na descrição da curva de crescimento de codornas de corte, utilizando Modelos de Regressão Aleatória.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Descrição dos dados**

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de duas linhagens experimentais de codornas de corte, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Foram utilizados 26835 e 27447 registros de pesos, mensurados a cada sete dias, ou seja, ao nascimento, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, provenientes de 3909 e 4040 codornas de corte, com 6742 e 7381 animais na matriz de parentesco, das linhagens UFV-1 e UFV-2, respectivamente. Foram consideradas para análise, codornas com no mínimo três registros de peso, peso diário dentro da média de todos os animais de mesmo grupo contemporâneo  $\pm$  três desvios padrão e que pertenciam a grupos contemporâneos com no mínimo cinco animais. A definição de grupo contemporâneo incluiu: geração, eclosão, sexo e idade, gerando 126 classes.

As classes de idade, agrupadas a cada sete dias (totalizando sete classes), foram incluídas nos grupos de contemporâneos, como sugerido por Meyer(2005b), para diminuir a amplitude de idades dos animais comparados diretamente dentro de cada grupo. Essa decisão foi tomada com base na constatação, em análises prévias, de amplitude elevada de idades dentro dos grupos de contemporâneos formados anteriormente sem as classes, o que refletiu diretamente na elevação, exacerbada, da variância fenotípica.

### **Práticas de Manejo e Seleção**

A coleta dos dados iniciou juntamente com a criação do programa de melhoramento genético de codornas de corte da UFV, em maio de 2006, na Granja de Melhoramento Genético de Aves, localizada na Fazenda Boa Vista, pertencente à Universidade Federal de Viçosa.

Foi feita a seleção de dois grupos genéticos, mantidos sob acasalamento ao acaso, por cinco gerações, com média de 2756 codornas nascidas por geração.

As codornas, na fase inicial de criação, foram criadas em box com piso de concreto e cama de maravalha, com campânulas de aquecimento. Elas receberam água e ração à vontade. No 28º dia de idade foi realizada seleção para peso, quando as melhores 204 fêmeas de cada linhagem foram transferidas para gaiolas individuais, para

controle da produção de ovos e acasalamento, e os melhores 102 machos foram mantidos para reprodução, na proporção 2 fêmeas : 1 macho. As codornas remanescentes permaneceram no piso até os 42 dias (idade de abate).

As codornas selecionadas permaneceram em gaiolas individuais de arame galvanizado, cada gaiola contendo seis repartições nas medidas: 0,90m de comprimento x 0,44m de largura x 0,23m de altura, e aparador de ovos com 0,15m a frente das gaiolas. Localizados do lado externo das gaiolas estão os comedouros de chapa galvanizada e os bebedouros, constituídos de metades de canos plásticos de 70 mm, colocados entre as fileiras de gaiolas.

A coleta de ovos para incubação teve duração de 7 a 10 dias, com completa identificação dos pais, mantida durante a incubação, transferência e eclosão.

Após a eclosão, as codornas foram anilhadas com marcação feita em canudos plásticos numerados e plastificados, cortados em anéis de aproximadamente 5mm de comprimento, mantidos durante toda a vida das aves e anéis de aproximadamente 1mm de comprimento de mangueira plástica, mantidos até 7 dias, garantindo menor perda dos anéis de identificação. Após devidamente identificadas, as codornas foram transferidas para box com piso de cimento, recoberto com cama de maravalha, com campânulas de aquecimento, repetindo-se todo o ciclo a cada geração.

Todas as codornas foram submetidas às mesmas práticas de manejo já descritas anteriormente, quanto à seleção e acasalamentos.

O peso corporal nas duas linhagens foi avaliado ao nascimento, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade.

A água e alimentação das codornas foi compatível com o sistema recomendado para todas as fases da vida produtiva e fornecidas à vontade.

### **Modelos e análises**

Os pesos corporais foram analisados por meio de modelo animal em regressão aleatória. As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, cujas idades foram descritas em termos de polinômios ortogonais de Legendre, de ordem três (quadrático), ajustando-se diferentes classes de variâncias residuais que podem ser representadas como segue:

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

Em que  $y_{ij}$  é o peso no dia  $j$ , da codorna  $i$ ;  $F$  refere-se aos efeitos fixos, constituídos pelo grupo de contemporâneos (126 subclasses);  $\beta_m$  é o coeficiente de regressão fixo  $m$  do peso sobre o polinômio de Legendre (função quadrática) para modelar a curva média de crescimento da população;  $\alpha_{im}$  e  $\rho_{im}$  são os coeficientes de regressão genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para a codorna  $i$ ;  $\phi_m$  é a função polinomial de Legendre  $m$  da idade padronizada ( $-1 < \text{idade} < 1$ ); e  $\varepsilon_{ij}$  denota o efeito aleatório residual.

Na modelagem da variância residual foram consideradas classes de idade: CL1: homogênea; e as heterogêneas: CL2: 1 e 7-42 dias; CL3: 1, 7 e 14-42 dias; CL4: 1, 7, 14 e 21-42 dias; CL5: 1, 7, 14 e 21 e 28-42 dias; CL6: 1, 7, 14, 21, 28 e 35-42 dias; CL7: 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, com o total de sete diferentes modelos para serem utilizados nas análises dos dados.

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

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

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{e} \quad \begin{aligned} \text{Var}(a) &= K_a \otimes A, \\ \text{Var}(c) &= K_c \otimes I_{N_d}, \\ \text{Var}(e) &= R \end{aligned}$$

Em que:  $y$  - vetor de  $N$  observações referentes a  $N_d$  animais;  $b$  - vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes  $b_m$  da regressão fixa;  $a$  - vetor  $k_a \times N_d$  de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que  $N_d$  denota o número total de animais na matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos (6.742 para UFV-1 e 7.381 para UFV-2);  $c$  - vetor  $k_c \times N_d$  de coeficientes de regressão aleatória ambiente permanente de animal;  $e$  - vetor de erros aleatórios;  $X$ ,  $Z_1$  e  $Z_2$ , referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos e efeitos fixos (grupos contemporâneos), coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente.  $K_a$  e  $K_c$  - matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente;  $A$  - matriz dos numeradores do

coeficiente de parentesco entre os indivíduos;  $I_{Nd}$  - matriz identidade de dimensão  $N_d$ ;  $\otimes$  - operador produto direto;  $R$  - matriz diagonal de variâncias residuais com elementos que dependem do número de classes ajustadas, ou seja,  $R = \text{diagonal}[\sigma_j^2]$ .

As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto e ambiente permanente de animal, conforme o modelo ajustado, foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o programa DXMRR do software DFREML (Meyer, 1998a).

Os efeitos aleatórios como proporção da variância fenotípica, para cada peso no dia  $t$  da pesagem, foram obtidos como segue:

$$\hat{h}_{t_i}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{at_i}^2}{\hat{\sigma}_{at_i}^2 + \hat{\sigma}_{ct_i}^2 + \hat{\sigma}_{e_i}^2} \quad \text{e} \quad \hat{c}_{t_i}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ct_i}^2}{\hat{\sigma}_{at_i}^2 + \hat{\sigma}_{ct_i}^2 + \hat{\sigma}_{e_i}^2};$$

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

$$r_{at_it_j} = \frac{\hat{\sigma}_{at_it_j}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{at_i}^2 \times \hat{\sigma}_{at_j}^2}} \quad \text{e} \quad r_{ct_it_j} = \frac{\hat{\sigma}_{ct_it_j}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{ct_i}^2 \times \hat{\sigma}_{ct_j}^2}}.$$

As estimativas de (co)variância para os efeitos genéticos aditivo direto e ambiente permanente de animal para o peso no dia  $t$  foram obtidas por:

$$\hat{\sigma}_{at_i}^2 = Z_{t_i}' \hat{K}_a Z_{t_i}, \quad \hat{\sigma}_{ct_i}^2 = Z_{t_i}' \hat{K}_c Z_{t_i}, \quad \hat{\sigma}_{at_it_j} = Z_{t_i}' \hat{K}_a Z_{t_j} \quad \text{e} \quad \hat{\sigma}_{ct_it_j} = Z_{t_i}' \hat{K}_c Z_{t_j},$$

com  $i=1, \dots, 42$  e  $j=1, \dots, 42$ .

A comparação entre os modelos foi feita pelo Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC), Logaritmo da função de verossimilhança ( $\text{Log}_e L$ ) e teste da razão de verossimilhança (LRT), ao nível de 1% de probabilidade, para testar diferenças entre os modelos estudados.

Os critérios AIC e BIC foram obtidos por:  $AIC = -2\text{Log}_e L + 2p$  e  $BIC = -2\text{Log}_e L + 2p\text{Log}_e(N - r)$ , em que  $p$  refere-se ao número de parâmetros do modelo,  $N$  é o número total de observações e  $r$  é o posto da matriz de incidência para os efeitos fixos. Menores valores de AIC e BIC e maiores valores de  $\text{Log}_e L$  indicam modelos mais adequados. A estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão:  $LRT_{ij} = 2\text{Log}_e L_i - 2\text{Log}_e L_j$ , em que  $\text{Log}_e L_i$  é o máximo da função de verossimilhança

para o modelo completo  $i$  e  $\text{Log}_e L_j$  o máximo da função de verossimilhança para o modelo reduzido  $j$ . A estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com  $d$  graus de liberdade e nível de significância de 1%, sendo  $d$  a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido (aninhados). As conclusões foram feitas da seguinte maneira: se  $LRT > \chi^2_{(0,01;d)}$  o teste seria significativo e o modelo completo forneceria melhor ajuste em relação ao modelo reduzido. A hipótese de nulidade testada foi de que os modelos: completo e reduzido não diferiram entre si.

Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análises unicaracterística por meio de modelo animal, que incluiu o mesmo efeito fixo (grupo contemporâneo) e o efeito aleatório genético direto. Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo programa MTDFREML, desenvolvido por Boldman, Kriese *et al.*(1995).

Avaliaram-se as mudanças ocorridas nos componentes de variância e parâmetros genéticos estimados ao longo da curva de crescimento em função do ajuste da variância residual.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve aumentos significativos ( $P < 0,01$ ) no  $\text{Log}_e L$ , pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) com o incremento do número de classes heterogêneas (CL7) da variância residual. De acordo com todos os critérios utilizados para avaliar a qualidade de ajuste, o modelo que considerou a homogeneidade (CL1) de variância residual mostrou-se inadequado (Tabela 1).

Pelo LRT, o modelo CL2 apresentou melhor modelagem da variância residual em relação ao modelo homogêneo ( $P < 0,01$ ).

Mudanças consideráveis nos valores do AIC, BIC e  $\text{Log}_e L$ , significativas ( $P < 0,01$ ) pelo LRT ocorreram até o modelo CL7 (Tabela 2), sugeriu melhor ajuste.

Tabela 1. Número de parâmetros (NP), logaritmo da função de máxima verossimilhança (LRT), estimados com os modelos que empregaram diferentes níveis de heterogeneidade da variância residual, para as linhagens UFV-1 e UFV-2

	Modelo	NP	$\text{Log}_e L^1$	AIC <sup>1</sup>	BIC <sup>1</sup>	LRT	
U F V 1	CL1	13	-7.948	15.884	15.835	(CL2-CL1)	12169,3 **
	CL2	14	-1.863	3.716	3.675	(CL3-CL2)	1619,2 **
	CL3	15	-1.054	2.099	2.066	(CL4-CL3)	1502,4 **
	CL4	16	-302	599	574	(CL5-CL4)	248,5 **
	CL5	17	-178	352	336	(CL6-CL5)	103,0 **
	CL6	18	-127	251	243	(CL7-CL6)	253,3 **
	CL7	19	0	0	0	-	-
U F V 2	CL1	13	-8.935	17.859	17.809	(CL2-CL1)	68,6 **
	CL2	14	-8.901	17.792	17.751	(CL3-CL2)	3038,5 **
	CL3	15	-7.382	14.755	14.722	(CL4-CL3)	155,9 **
	CL4	16	-7.304	14.601	14.577	(CL5-CL4)	688,9 **
	CL5	17	-6.959	13.915	13.898	(CL6-CL5)	9134,9 **
	CL6	18	-2.392	4.782	4.773	(CL7-CL6)	4783,6 **
	CL7	19	0	0	0	-	-

\*\*significativo a 1% de probabilidade; <sup>1</sup>Valores expressos como desvio do melhor valor; CL - Classes de Idades (Homogeneidade e Heterogeneidade).

Sarmiento(2007), trabalhando com a curva de crescimento de ovinos, verificou que o modelo considerando homogeneidade de variâncias residuais mostrou-se inadequado, sendo que a variância residual contendo sete classes heterogêneas

proporcionou melhor ajuste, embora um mais parcimonioso, com cinco classes, poderia ser utilizado sem perdas na qualidade de ajuste da variância nos dados.

O fato de assumir homogeneidade de variância residual ao longo da curva de crescimento resulta em distorções consideráveis na partição da variância total, uma vez que houve grande diferença nas estimativas de variâncias residuais (Tabela 3).

As estimativas de variância dos modelos que consideram homogeneidade, heterogeneidade de variâncias residuais e as obtidas por meio de análises unicaracterística, são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de variâncias e herdabilidades, com homogeneidade (CL1) e heterogeneidade (CL7) de variâncias residuais, e estimativas em análises unicaracterística (UNI)

		IDADES							
MODELOS		1	7	14	21	28	35	42	
U F V  1	$\sigma^2_a$	CL1	0,54	7,35	36,10	75,69	122,00	179,40	260,50
		CL7	0,35	6,63	24,23	51,63	95,04	168,50	293,80
		UNI	0,35	4,94	26,34	72,10	136,62	184,89	212,82
	$\sigma^2_c$	CL1	1,52	13,55	59,44	103,60	136,40	177,00	273,80
		CL7	0,33	14,58	49,77	88,67	129,50	186,70	290,30
		UNI	0,70	17,71	101,29	255,96	393,88	449,51	570,32
	$\sigma^2_p$	CL1	30,42	49,26	123,90	207,70	286,80	384,80	562,70
		CL7	0,70	29,65	86,20	178,40	270,60	403,90	729,90
		UNI	0,70	17,71	101,29	255,96	393,88	449,51	570,32
	$\sigma^2_e$	CL1	28,36	28,36	28,36	28,36	28,36	28,36	28,36
		CL7	0,01	8,44	12,20	38,05	46,05	48,74	145,80
		UNI	0,35	12,77	74,94	183,85	257,26	264,62	357,51
$h^2$	CL1	0,02	0,15	0,29	0,36	0,43	0,47	0,46	
	CL7	0,50	0,22	0,29	0,31	0,38	0,45	0,42	
	UNI	0,51	0,28	0,26	0,28	0,35	0,41	0,37	
		IDADES							
MODELOS		1	7	14	21	28	35	42	
U F V  2	$\sigma^2_a$	CL1	1,04	4,41	27,79	67,62	125,70	210,40	337,00
		CL7	0,35	4,37	17,80	46,58	105,90	220,30	423,70
		UNI	0,36	3,76	19,88	81,75	160,00	269,85	286,44
	$\sigma^2_c$	CL1	1,71	14,88	64,46	110,60	143,80	188,20	302,00
		CL7	0,33	16,57	55,50	96,76	137,00	190,40	288,30
		UNI	0,71	19,93	86,14	240,10	402,66	511,21	722,70
	$\sigma^2_p$	CL1	32,73	49,27	122,20	208,20	299,40	428,50	669,00
		CL7	0,69	29,23	83,92	179,40	292,50	462,30	899,90
		UNI	0,71	19,93	86,14	240,10	402,66	511,21	722,70
	$\sigma^2_e$	CL1	29,98	29,98	29,98	29,98	29,98	29,98	29,98
		CL7	0,01	8,30	10,62	36,03	49,57	51,66	188,00
		UNI	0,35	16,18	86,14	158,34	242,66	241,36	436,26
$h^2$	CL1	0,02	0,11	0,24	0,33	0,42	0,49	0,50	
	CL7	0,50	0,15	0,21	0,26	0,36	0,48	0,47	
	UNI	0,50	0,19	0,19	0,34	0,40	0,53	0,40	

A variância genética aditiva direta da linhagem 1 também foi influenciada pela modelagem da variância residual, com maiores mudanças no final da curva de crescimento, quando se considerou heterogeneidade de variância.

O modelo, que considerando homogeneidade proporcionou estimativas de variância atribuídas ao ambiente permanente, ligeiramente maiores às obtidas considerando heterogeneidade de variância residual, embora o comportamento da curva tenha sido muito similar. A diferença nas estimativas da variância de ambiente permanente de animal aumentou com a idade para os dois modelos avaliados, à semelhança dos resultados obtidos por Akbas, Takma *et al.*(2004), com homogeneidade de variância residual, cujas estimativas de variância de ambiente permanente variaram de 60,63 a 835,90.

As estimativas de herdabilidades diretas ao longo da curva de crescimento diferiram em função do ajuste da variância residual. No início da curva as herdabilidades estimadas quando se admitem a variância residual como heterogênea e os resultados das análises unicaracterística, foram maiores do que as estimadas ao se considerar a variância residual constante.

As herdabilidades estimadas foram crescentes do nascimento até 35 dias de idade no modelo CL1, e de 7 a 35 dias nos modelos CL7 e UNI, com ligeiro decréscimo de 35 a 42 dias de idade.

Akbas, Takma *et al.*(2004), ao considerar variância residual homogênea, encontrou estimativas de herdabilidade baixa (0,007) no peso ao nascer, semelhante à encontrada no modelo CL1, já para as demais idades, as estimativas encontradas foram ligeiramente maiores.

As correlações entre os pesos nas várias idades, para os dois modelos estudados, à exceção das correlações entre peso ao nascer e os demais pesos, foram altas e positivas (Tabelas 3 e 4), à semelhança dos resultados encontrados por Akbas, *et al.*(2004), com homogeneidade de variância residual. No modelo com homogeneidade de variância residual, as correlações relacionadas com o peso ao nascimento foram negativas, e em médias mais baixas no modelo que considerou heterogeneidade de variância residual.

Tabela 3. Estimativas das correlações genéticas entre os pesos nas idades estudadas, considerando-se homogeneidade (acima da diagonal) e heterogeneidade de variância residual (abaixo da diagonal) para as duas linhagens

UFV-1							
IDADE	CL1						
	1	7	14	21	28	35	42
1		-1,00	-0,99	-0,95	-0,89	-0,78	-0,64
7	0,46		0,99	0,96	0,90	0,80	0,66
C 14	0,41	0,98		0,99	0,95	0,87	0,75
L 21	0,41	0,92	0,98		0,99	0,93	0,84
7 28	0,42	0,82	0,91	0,97		0,98	0,92
35	0,41	0,68	0,80	0,91	0,98		0,98
42	0,39	0,54	0,67	0,81	0,92	0,98	

  

UFV2							
IDADE	CL1						
	1	7	14	21	28	35	42
1		-0,97	-1,00	-0,99	-0,95	-0,89	-0,80
7	0,50		0,98	0,93	0,85	0,74	0,62
C 14	0,42	0,96		0,98	0,94	0,87	0,77
L 21	0,40	0,86	0,97		0,98	0,94	0,87
7 28	0,38	0,74	0,89	0,98		0,99	0,94
35	0,36	0,62	0,80	0,93	0,99		0,99
42	0,33	0,52	0,72	0,87	0,96	0,99	

Wenceslau, *et al.*(2007), ao avaliarem duas linhagens de codornas de corte no período de crescimento, com homogeneidade de variância, também encontraram correlações genéticas positivas de média a alta magnitude entre os pesos corporais de 21 a 42 dias de idade.

As correlações de ambiente permanente, estimadas entre os pesos, tenderam a ser maiores entre idades mais próximas, à exceção daqueles entre o peso ao nascer (1 dia) e os pesos nas demais idades. As correlações entre o peso ao nascer e os demais pesos (Tabela 4), apresentaram valores baixos pelo modelo CL7 e negativos pelo modelo CL1.

Tabela 4. Estimativas das correlações de ambiente permanente entre as idades estudadas com homogeneidade (acima da diagonal) e heterogeneidade de variância residual (abaixo da diagonal) para as duas linhagens

UFV-1							
IDADE	CL1						
	1	7	14	21	28	35	42
1		-1,00	-0,98	-0,93	-0,81	-0,55	-0,20
7	0,23		0,99	0,96	0,85	0,62	0,28
C 14	0,15	0,99		0,98	0,91	0,71	0,39
L 21	0,12	0,94	0,98		0,97	0,82	0,55
7 28	0,09	0,84	0,91	0,97		0,94	0,74
35	0,05	0,66	0,76	0,87	0,96		0,93
42	0,02	0,42	0,55	0,69	0,84	0,96	

  

UFV2							
IDADE	CL1						
	1	7	14	21	28	35	42
1		-0,99	-0,96	-0,90	-0,75	-0,46	-0,08
7	0,31		0,99	0,96	0,84	0,59	0,24
C 14	0,24	0,99		0,98	0,90	0,68	0,35
L 21	0,21	0,95	0,98		0,96	0,80	0,51
7 28	0,17	0,85	0,92	0,97		0,93	0,72
35	0,12	0,67	0,76	0,87	0,96		0,92
42	0,06	0,42	0,54	0,68	0,83	0,96	

De acordo com os resultados obtidos, é de fundamental importância a adoção de heterogeneidade de variância residual para modelar variâncias associadas à curva de crescimento de codornas de corte.

## **CONCLUSÕES**

As estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações foram influenciadas pela modelagem da variância residual, tornando necessária a utilização de heterogeneidade de variância residual para modelar as variâncias residuais associadas à curva de crescimento das codornas de corte.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akbas, Y., Ç. Takma, *et al.* 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.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, *et al.* A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [DRAFT]. Lincoln: USDA/ARS. 1995. 120 p.
- Dionello, N. J. L., G. S. S. Corrêa, *et al.* Efeitos maternos e permanentes na avaliação genética de linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. João Pessoa, PB: Anais... João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006 (CD-ROM), 2006. p.
- El Faro, L. e L. G. Albuquerque. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. Revista Brasileira de Zootecnia. 32: 1104-1113 p. 2003.
- Fischer, T. M., J. H. J. Van Der Werf, *et al.* Description of lamb growth using random regression on field data. Livestock Production Science. 89: 175-185 p. 2004.
- Henderson Jr., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. Biometrics. 38: 623-640 p. 1982.
- Lewis, R. M. e S. Brotherstone. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. Animal Science. 74: 63-70 p. 2002.
- Meyer, K. “DXMRR” – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6. Armidale: Proceedings...Armidale: University of New Wngland (CD ROM), 1998a. p.
- \_\_\_\_\_. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. Journal of Animal Breeding and Genetics, v.116, p.181-205. 1999.
- \_\_\_\_\_. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. Livestock Production Science. 65: 19-38 p. 2000.
- \_\_\_\_\_. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. Genetics Selection Evolution. 33: 487-514 p. 2001.
- \_\_\_\_\_. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. Journal of Animal Breeding and Genetics, v.122, p.73-85. 2005b.

Sarmiento, J. L. R. Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007. 101 p.

Schaeffer, L. R. e J. C. M. Dekkers. Randon regression in animal models for test-day productin in dairy catte. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 5. Guelph: Proceedings...Guelph, 1994. 443-446 p.

Wenceslau, R. R., G. S. S. Corrêa, *et al.* Correlação genética e herdabilidade de pesos vivos de codornas de corte avaliados no período de crescimento. Simpósio Internacional de Coturnicultura. Lavras, MG: Anais do 3º Simpósio Internacional de Coturnicultura e 2º Congresso Brasileiro de Coturnicultura, 2007. p.

## Capítulo 2

### Modelos de Regressão Aleatória para a descrição da curva de crescimento de codornas de corte

**Resumo:** Objetivou-se com este trabalho, comparar diferentes modelos de regressão aleatória, ajustados por meio de funções polinomiais de Legendre de diferentes ordens para avaliar o que melhor se ajusta ao estudo genético da curva de crescimento de codornas de corte. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de 26835 e 27447 observações, de 3909 e 4040 codornas de corte das linhagens UFV-1 e UFV-2, respectivamente, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Universidade Federal de Viçosa. 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 determinar a ordem mínima necessária para descrever as estruturas de (co)variâncias em função do tempo nos modelos de regressão aleatória. A utilização de uma função polinomial de Legendre com as ordens 6 para efeito genético aditivo direto e 5 para efeito permanente de animal, para a linhagem UFV-1 e 6 para ambos efeitos aleatórios para a linhagem UFV-2, devem ser utilizados na avaliação genética da curva de crescimento de codornas de corte em estudo. As herdabilidades estimadas indicam que ganhos genéticos podem ser obtidos como resposta à seleção para peso corporal nas duas linhagens.

**Palavras Chave:** componente de variância, codorna de corte, herdabilidade, polinômio de Legendre.

## Chapter 2

### **Random Regression Models for the Curve Description of the Quails Meat Growth.**

**Abstract:** The aim of this work was to compare different random regression models adjusted through Legendre polynomial functions of different orders to evaluate which adjustments to the genetic study of the quail meat growth curve is better. The data used in this study originated from 26835 and 27447 observations, from 3909 and 4040 quail meat of the UFV-1 and UFV-2 lineages, respectively, pertaining to the Genetic Improvement of Poultry Program of the Federal University of Viçosa. The physical weight of the two lineages was evaluated on 1, 7, 14, 21, 28, 35 and 42 days of age. Orders of adjustment of the continuous functions were gradually increased (orders varying from 3 to 6), to determine the least necessary order to describe (co) structure variances in function of time in the random regression models. The use of Legendre polynomial functions of the 6<sup>th</sup> order for direct additive genetic effect and 5<sup>th</sup> for a constant animal effect, for lineages UFV-1 and 6 for both random effects to lineage UFV-2, should be used in the genetic evaluation of the quail meat growth curve in study. The estimated heritability indicates which genetic traits can be obtained as a response to the physical body weight selection in two lineages.

**Key words:** variance component, quail meat, heritability, Legendre polynomial.

## INTRODUÇÃO

Regressões polinomiais têm sido amplamente utilizadas para descrever a curva de crescimento dos animais. Em geral, regressões sobre o tempo (idade) são consideradas como efeitos fixos para levar em conta tendências gerais ou dentro de classes de efeitos fixos. O uso de regressões aleatórias para modelar dados longitudinais não é recente e no contexto de modelos lineares foi apresentado por Henderson Jr(1982). No Brasil, modelos de regressão aleatória têm sido aplicados a dados de produção de leite (El Faro e Albuquerque, 2003; Costa, Melo *et al.*, 2008) e crescimento de bovinos de corte (Dias, Albuquerque *et al.*, 2006), ovinos (Sarmiento, Torres *et al.*, 2006) e codornas (Dionello, Corrêa *et al.*, 2006).

Na maioria dos trabalhos utiliza-se regressões sobre polinômios de Legendre para modelar dados longitudinais. Estes modelos não requerem qualquer pressuposição sobre a forma da curva ou trajetória da característica com o tempo. Entretanto, em geral, requerem o ajuste de polinômios de altos graus, especialmente para modelar os efeitos de ambiente permanente de animal (Meyer, 1999; Brotherstone, White *et al.*, 2000; Meyer, 2000; , 2001) e, em conseqüência, apresentam um grande número de parâmetros a ser estimado. Polinômios de alto grau são associados a problemas numéricos (Kirkpatrick, Hill *et al.*, 1994; Meyer, 1998b) e a grandes exigências computacionais.

No melhoramento genético de codornas de corte, os indivíduos são tratados como efeitos aleatórios por intermédio de seus valores genéticos. Também de maneira geral, avaliações repetidas são realizadas em cada indivíduo no decorrer do tempo ou idade, de forma que variáveis respostas possam ser explicadas por meio de uma função linear da idade.

Os modelos de regressão aleatória permitem considerar que o caráter em questão pode estar mudando continuamente e gradualmente ao longo do tempo (Kirkpatrick, Hill *et al.*, 1994), e portanto podem ser mais adequados que os modelos de repetibilidade e multivariado.

Os modelos de regressão aleatória permitem a obtenção de diferentes curvas de valores genéticos associadas aos diferentes indivíduos e consideram as mudanças nas variâncias genéticas e residuais ao longo do tempo.

Assim, torna-se necessária a utilização de métodos que consigam agrupar toda a informação de um animal, estimar mais precisamente os fatores de ambiente com a utilização dos dados observados, visando incrementar a acurácia, as possibilidades de seleção e o melhoramento genético.

Ao ajustar um modelo de regressão aleatória, implicitamente, ajusta-se uma função contínua que permite descrever as mudanças genéticas e ambientais com o passar do tempo. Vários trabalhos têm empregado como funções contínuas os polinômios ortogonais de Legendre, os quais podem requerer ordens de ajustes diferentes para cada efeito aleatório contido no modelo de análise. A falta de um modelo apropriado, isto é, o desconhecimento da ordem de ajuste mais apropriada para a função empregada, pode influenciar erroneamente a partição da variância fenotípica nas variâncias atribuídas aos efeitos incluídos no modelo (Sarmento, 2007).

Em codornas de corte, poucos estudos foram realizados para avaliar a ordem de ajuste necessária das funções contínuas aplicadas aos modelos de regressão aleatória. Akbas, *et al.*(2004), modelaram as regressões aleatórias por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordem seis para os efeitos genéticos direto e de ambiente permanente de animal em codornas.

Desta forma, objetivou-se com este trabalho comparar diferentes modelos de regressão aleatória, ajustados por meio de funções polinomiais de Legendre de diferentes ordens para avaliar o que melhor se adequa ao estudo genético da curva de crescimento de codornas de corte.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Descrição dos dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de duas linhagens experimentais de codornas de corte, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Foram utilizados 26.835 e 27.447 registros de pesos de 3.909 e 4040 codornas das linhagens UFV-1 e UFV-2, respectivamente, mensurados a cada sete dias, ou seja, ao nascimento, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, como descritos no primeiro capítulo.

### Modelos e análises

Polinômios ortogonais de Legendre da idade foram utilizados como funções contínuas para representar as regressões: fixa e aleatória. Generalizando, os modelos ajustados por funções de diferentes ordens para os efeitos aleatórios podem ser representados como 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  $i$ ;  $F$  refere-se ao efeito fixo, constituído pelo grupo de contemporâneo (A definição de grupo contemporâneo incluiu: geração, eclosão, sexo e idade, gerando 126 classes);  $\beta_m$  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;  $\alpha_{im}$  e  $\rho_{im}$  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 correspondentes, as quais variaram de um a seis, para averiguar a ordem mais apropriada para cada efeito aleatório;  $\phi_m$  é a função polinomial de Legendre da idade padronizada  $m$  ( $-1 < \text{idade} < 1$ ); e  $\varepsilon_{ij}$  denota o efeito aleatório residual.

A variância residual foi considerada heterogênea por meio de sete classes de idades, conforme encontrado no capítulo 1.

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

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

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } \begin{matrix} \text{Var}(a) = K_a \otimes A, \\ \text{Var}(c) = K_c \otimes I_{N_d}, \\ \text{Var}(e) = R; \end{matrix}$$

Em que  $y$  é um vetor de  $N$  observações referentes a  $N_d$  animais;  $b$  é um vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes  $b_m$  da regressão fixa;  $a$  é um 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 (6.742 e 7.381 das linhagens UFV-1 e UFV-2, respectivamente);  $c$  é um vetor  $k_c \times N_d$  de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente de animal;  $e$  é um vetor de erros aleatórios;  $X$ ,  $Z_1$  e  $Z_2$  referem-se às matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos, coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente.  $K_a$  e  $K_c$  são as matrizes de (co)variâncias 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;  $I_{N_d}$  é uma matriz identidade de dimensão  $N_d$ ;  $\otimes$  o operador produto direto;  $R$  é uma matriz diagonal de variâncias residuais com elementos estimados de acordo com a função descrita no capítulo 1,  $R = \text{diagonal}[\sigma_j^2]$ .

Os diferentes modelos foram comparados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC).

Além disso, os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos estimados ao longo da curva de crescimento obtidos pelos modelos que empregaram as funções com as melhores ordens de ajuste foram inspecionados e comparados aos estimados por meio de análise unicaracterística usando modelo animal.

As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos direto e ambiente permanente de animal, conforme o modelo ajustado, foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o programa DXMRR do software DFREML (Meyer, 1998a).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

O emprego de modelos de regressão aleatória por meio de funções polinomiais de Legendre requer a definição da ordem mais apropriada para cada efeito aleatório considerado no modelo de análise, assim, as ordens de ajuste das funções contínuas foram gradualmente aumentadas (ordens variando de 1 a 6), visando determinar a ordem mínima necessária para descrever as estruturas de (co)variâncias em função do tempo.

Na Tabela 1, estão apresentados os valores do Logaritmo da função de verossimilhança ( $\text{Log}_e L$ ), Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano (BIC), o número de parâmetros estimados (NP) e o Teste da Razão da Verossimilhança (LTR) para os modelos estudados nas duas linhagens (UFV-1 e UFV-2).

Para permitir um estudo mais detalhado, foi utilizado um modelo que corresponde a um modelo de repetibilidade, com  $k_a=1$  e  $k_c=1$ , equivalente a  $k=11$ , em que apenas o intercepto foi ajustado. Este modelo apresentou os piores valores para todos os critérios utilizados (Tabela 1), o que indica que as estimativas de variâncias constantes não são apropriadas para o estudo apresentado. Resultados semelhantes foram obtidos por Meyer (1998b) e Sakaguti(2000) em estudos com bovinos de corte, e por Sarmento(2007), em ovinos de corte.

As ordens de ajuste das funções contínuas foram aumentadas gradativamente, para se determinar a ordem mínima necessária para descrever as variâncias e a estrutura de covariância em função do tempo para cada efeito aleatório. Os ajustes linear ( $k=22$ ) e quadrático ( $k=33$ ) propiciaram valores maiores para o  $\text{Log}_e L$  ( $P<0,01$  pelo LRT) e menores de AIC e BIC, o que indica que estes apresentam melhores ajustes em relação aos modelos que as variâncias foram mantidas constantes, mas foram piores que os valores obtidos com modelos de maiores ordens de ajustes, que sugere que esses modelos propiciaram ajustes simplificados para representar as mudanças nas variâncias em função do tempo.

Tabela 1 - Logaritmo da função de verossimilhança ( $\text{Log}_e L$ ), Critério de informação de Akaike (AIC), Critério de informação Bayesiano (BIC), Número de

parâmetros estimados (NP) e Teste da razão da verossimilhança (LTR) para os modelos estudados.

	Modelo <sup>1</sup>	Log L <sup>2</sup>	AIC <sup>2</sup>	BIC <sup>2</sup>	NP	LRT
U F V 1	11	-11.113,6	22.147,4	21.868,7	9	-
	22	-3.473,1	6.874,4	6.628,5	13	7640,5**
	33	-1.620,9	3.182,0	2.985,3	19	1852,2**
	43	-921,6	1.791,3	1.627,3	23	699,4**
	44	-664,1	1.284,3	1.153,1	27	257,5**
	53	-596,1	1.150,4	1.027,4	28	67,9**
	54	-336,0	638,2	548,0	32	56,4**
	64	-307,6	593,4	552,4	38	164,0**
	65	-5,9	0,0	0,0	43	301,7**
	66	0,0	0,2	49,4	49	5,9 <sup>ns</sup>
U F V 2	11	-20.537,6	40.995,2	40.666,4	9	-
	22	-12.806,4	25.540,7	25.244,8	13	7731,2**
	33	-10.951,8	21.843,6	21.597,0	19	1854,6**
	43	-10.362,5	20.673,0	20.459,2	23	589,3**
	44	-10.152,6	20.261,2	20.080,4	27	209,9**
	53	-10.057,6	20.073,3	19.900,6	28	95,0**
	54	-9.913,8	19.793,6	19.653,8	32	143,9**
	64	-9.807,4	19.592,8	19.502,3	38	48,5**
	65	-9.476,4	18.940,9	18.891,5	43	331,0**
	66	0,0	0,0	0,0	49	13104,1**

<sup>1</sup> Ordem de ajuste para os efeitos genético aditivo direto e ambiente permanente.

<sup>2</sup> Valores expressos como desvio do menor valor.

\*\* significativo a 1% de probabilidade (P<0,01); ns não significativo.

De acordo com  $\text{Log}_e L$ , as ordens mais altas dos polinômios para os efeitos produziram maiores valores, o que sugere que o modelo mais parametrizado (modelo 66, com 49 parâmetros a serem estimados) com  $k_a=6$  para os efeitos genético aditivo direto e  $k_c=6$  para ambiente permanente de animal, proporcionou melhor ajuste para as duas linhagens. Entretanto, ao se avaliar o resultado do teste da razão de verossimilhança (LRT), verifica-se que este modelo não diferiu estatisticamente (P>0,01) do modelo 65 para a linhagem UFV-1, o que indica que maiores ordens para ajuste deste efeito não proporcionam melhorias.

Os modelos com melhores ajustes foram o modelo 65 para a linhagem UFV-1 e o modelo 66 para a linhagem UFV-2 (Tabela 1), com base nos resultados observados pelo Critério de Informação Bayesiano (BIC) e o Critério de Informação de Akaike (AIC).

Akbas, Takma *et al.* (2004), verificaram melhor ajuste quando admitiram ordem 6 para os efeitos aleatórios e ao considerarem variância residual constante para todas as idades.

As estimativas de (co)variância e correlações entre os coeficientes de regressão aleatória para os modelos 65 da linhagem UFV-1 e 66 da linhagem UFV-2, estão apresentadas nas Tabelas 2.

Tabela 2 – Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e os autovalores da matriz dos coeficientes para o modelo 65, para a linhagem UFV-1 e modelo 66 para a linhagem UFV-2

	1	2	3	4	5	6	Autovalor (%)
Efeito genético aditivo direto (ka=6)							
U F V	114,68	0,92	-0,32	-0,66	0,27	0,26	92,20
	-8,73	0,29	6,44	0,31	-0,77	-0,49	6,36
	-10,06	-6,94	1,11	2,04	-0,21	-0,55	1,05
	2,34	0,18	-1,57	-0,24	0,64	0,65	0,21
	1,70	0,58	-0,77	-0,49	0,33	0,39	0,17
	68,93	48,78	0,02	-0,70	0,03	0,13	0,01
Efeito de ambiente permanente de animal (kc=5)							
1	153,67	0,83	-0,54	-0,35	0,41		86,23
	-28,34	-1,50	18,26	0,25	-0,65		11,36
	-8,01	-6,25	1,92	3,33	0,24		1,79
	6,37	1,05	-3,43	0,55	1,55		0,60
	74,78	52,65	-0,05	-0,47	0,12		0,01
Efeito genético aditivo direto (ka=6)							
U F V	129,40	0,93	0,12	-0,70	0,63	0,79	93,40
	86,44	67,49	0,40	-0,77	0,54	0,77	5,17
	3,30	7,83	5,60	-0,07	-0,38	0,17	1,03
	-11,24	-8,88	-0,23	1,99	-0,53	-0,84	0,30
	7,67	5,37	0,34	-1,01	0,39	0,72	0,10
	6,21	3,85	-0,78	-0,65	0,75	0,52	0,00
Efeito de ambiente permanente de animal (kc=6)							
2	170,88	0,81	-0,53	-0,47	0,18	-0,05	85,61
	-30,36	-0,75	19,32	0,13	-0,86	-0,43	12,12
	79,02	55,53	-0,02	-0,66	-0,17	-0,30	1,76
	-0,62	-2,34	-1,97	-0,61	1,04	1,08	0,49
	3,97	-2,17	-6,36	-0,63	2,82	0,60	0,02
	-8,98	-7,15	0,83	2,14	-0,26	-0,40	0,00

Pode-se verificar que o intercepto explicou a maior proporção da variância para os efeitos aleatórios incluídos nos dois modelos (Tabelas 2), para ambas linhagens. Quando o modelo mais parametrizado foi empregado houve um maior número de autovalores associado à matriz dos coeficientes próximos de zero, o que pode ter sido causado pelo aumento da multicolinearidade devido ao aumento da ordem de ajuste da função empregada, o que sugere redução na dimensionalidade. Resultado similar, embora ligeiramente menor, foi encontrado por Akbas, Takma *et al.* (2004).

Os componentes de variância estimados pelos modelos estudados para as linhagens UFV-1 e UFV-2, são apresentados nas Tabelas 3, 4, 5, 6.

Tabela 3 – Estimativas de variâncias genética aditiva, para as linhagens UFV-1 e UFV-2

MODELOS	IDADES (DIAS)							
	1	7	14	21	28	35	42	
UNI	0,35	4,94	26,34	72,10	136,62	184,89	212,82	
11	0,45	0,45	0,45	0,45	0,45	0,45	0,45	
22	0,34	0,67	1,20	1,89	2,75	3,77	4,95	
U	33	0,35	6,63	24,23	51,63	95,04	168,50	293,80
F	43	0,35	4,76	39,55	149,50	276,00	277,00	177,50
V	44	0,35	4,77	21,81	63,22	125,20	178,80	197,50
	53	0,35	5,81	72,12	207,80	302,90	276,10	253,70
1	54	0,35	5,37	54,42	126,70	158,50	182,70	276,30
	64	0,35	5,41	52,84	131,90	171,30	180,00	295,20
	65	0,35	4,52	23,43	71,70	132,10	174,50	205,70
	66	0,35	4,51	23,61	69,29	126,60	174,00	202,70
UNI	0,36	3,76	19,88	81,75	160,00	269,85	286,44	
11	0,35	0,35	0,35	0,35	0,35	0,35	0,35	
22	0,35	5,72	23,43	53,46	95,81	150,50	217,50	
U	33	0,35	4,37	17,80	46,58	105,90	220,30	423,70
F	43	0,35	2,91	33,22	138,10	260,40	269,30	231,10
V	44	0,35	2,90	16,90	59,63	132,60	209,50	258,50
	53	0,35	3,39	58,99	187,00	294,30	291,90	334,70
2	54	0,35	6,01	20,96	47,86	73,80	115,50	288,80
	64	0,35	3,09	34,97	111,90	153,50	258,20	248,80
	65	0,35	2,98	16,83	68,29	158,10	237,90	271,60
	66	0,84	7,42	17,90	67,28	150,50	201,20	392,00

Modelos mais parcimoniosos devem ser preferidos, pois, de acordo com Legarra et al.(2004), ajuste perfeito aumenta a demanda computacional (memória e capacidade de processamento), a susceptibilidade a erros numéricos e alertam para o fato de que a redução da dimensionalidade devido à eliminação de autovalores próximos de zero não é indicada em todos os casos, uma vez que, ao adotar este critério, pode resultar em modelagem simplista ou inadequada.. Todavia, a seleção da ordem do polinômio a ser utilizada não é uma tarefa fácil e, para isto, os autovalores podem ser uma ferramenta útil (Foulley & Robert-Granié, 2002). Assim, optou-se por inspecionar os componentes de variância estimados pelos diferentes modelos e os parâmetros genéticos resultantes.

A variância genética aditiva estimada no início da vida das aves foi muito próxima em todos os modelos, com maior variação a partir dos 21 dias de idade. Os modelos 65 e 66 da linhagem UFV-1 apresentaram resultados muito similares, o que confirma a

possibilidade de se usar o modelo 65 por ser mais parcimonioso e não causar grandes alterações nas estimativas dos componentes de variância.

As estimativas foram crescentes ao longo do tempo, diferente do que foi apresentado por Dionello, Corrêa *et al.*(2006), que estudaram codornas européias admitindo Polinômio de Legendre de ordem 3, encontraram variância genética aditiva que variou de 1,18 a 532,8, com oscilações associadas ao avançar da idade.

Estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas crescentes ao longo da trajetória foram relatadas em ovinos de corte por Sarmiento(2007) e em bovinos de corte por Meyer(2001) e Albuquerque e Meyer(2001) que também descreveram estimativas crescentes ao longo do período estudado, com ligeira tendência de diminuição ao final da curva de crescimento.

Tabela 4 – Estimativas de variâncias de ambiente permanente, para as linhagens UFV-1 e UFV-2

MODELOS	IDADES (DIAS)							
	1	7	14	21	28	35	42	
U F V 1	11	0,000001	0,000001	0,000001	0,000001	0,000001	0,000001	0,000001
	22	0,34	11,26	50,36	117,80	213,70	338,00	490,60
	33	0,33	14,58	49,77	88,67	129,50	186,70	290,30
	43	0,33	10,84	36,48	67,53	111,10	191,50	350,10
	44	0,34	10,91	44,29	108,20	182,20	232,90	336,80
	53	0,33	9,20	29,59	53,02	87,85	159,60	311,00
	54	0,34	9,94	38,60	93,44	155,50	195,00	293,20
	64	0,34	9,97	38,64	92,87	152,90	188,70	282,90
	65	0,33	10,43	57,29	128,10	170,70	192,20	247,90
	66	0,34	8,61	58,16	130,40	176,40	193,70	238,40
U F V 2	11	0,334	0,334	0,334	0,334	0,334	0,334	0,334
	22	0,33	7,99	35,28	82,34	149,20	235,80	342,20
	33	0,33	16,57	55,50	96,76	137,00	190,40	288,30
	43	0,33	13,05	43,24	79,15	128,00	216,40	390,00
	44	0,34	13,08	50,69	116,40	187,30	237,80	374,50
	53	0,34	11,90	37,68	65,72	103,30	177,30	334,00
	54	0,31	12,78	51,44	132,90	230,50	271,60	269,00
	64	0,34	12,51	46,92	107,40	177,00	216,70	240,70
	65	0,34	13,49	61,99	132,80	168,90	182,50	245,90
	66	0,38	16,25	64,48	140,90	184,70	222,80	185,50

As estimativas de variância de ambiente permanente foram crescentes do nascimento aos 42 dias de idade (Tabela 4), com pequenas diferenças entre os modelos, com exceção do modelo 11, o qual apresentou ajuste constante, cordando com os resultados de Akhas *et al* (2004) e Winter(2005), que encontraram valores de

covariâncias para ambiente permanente, positivas e crescentes entre os pesos corporais em codornas de corte.

As variâncias fenotípicas estimadas pelos modelos selecionados (65 da linhagem 1 e 66 da linhagem 2) foram semelhantes e próximas às estimadas por meio de análises que consideraram cada peso como uma característica (UNI).

Tabela 5 – Estimativas de variâncias fenotípicas, por idade, para as duas linhagens estudadas

MODELOS	IDADES (DIAS)						
	1	7	14	21	28	35	42
UNI	0,70	17,71	101,29	255,96	393,88	449,51	570,32
11	0,75	15,68	84,14	206,50	296,70	364,60	502,70
22	0,69	24,05	83,83	170,30	255,80	433,60	757,00
U	33	0,70	29,65	86,20	178,40	270,60	403,90
F	43	0,70	18,84	91,60	248,10	414,20	542,40
V	44	0,69	18,17	82,64	203,90	329,40	483,10
	53	0,69	18,28	1134,00	286,70	417,10	492,90
1	54	0,70	17,58	105,40	245,50	337,80	432,80
	64	0,70	17,66	103,30	250,20	346,70	422,00
	65	0,70	16,97	91,59	223,40	328,70	403,30
	66	0,69	16,99	90,89	224,10	327,20	401,50
UNI	0,71	19,93	86,14	240,10	402,66	511,21	722,70
11	0,75	15,68	84,14	206,50	296,70	364,60	502,70
22	0,70	26,36	89,02	181,00	288,50	492,60	880,50
U	33	0,69	29,23	83,92	179,40	292,50	462,30
F	43	0,69	19,59	90,27	245,60	420,20	568,60
V	44	0,69	19,13	81,88	204,30	349,10	528,90
	53	0,69	18,77	107,10	276,70	427,00	530,90
2	54	0,68	20,34	85,28	205,20	332,60	444,80
	64	0,69	18,36	93,43	238,70	369,80	474,90
	65	0,68	17,85	89,42	221,60	357,50	462,80
	66	1,23	23,69	92,14	222,60	367,30	463,60

Assim como encontrado por Akbas, Takma et al.(2004), todos os componentes de variância aumentaram com a idade das codornas. Ton, Martins et al.(2006) encontrou estimativas de variância bem menores que as encontradas neste estudo. A variância fenotípica estimada, para ambas linhagens, aumentou consideravelmente com o tempo.

Tabela 6 – Estimativas de variância residual, por idade, comparando os modelos estudados para as duas linhagens.

MODELOS	IDADES (DIAS)							
	1	7	14	21	28	35	42	
UNI	0,35	12,77	74,94	183,85	257,26	264,62	357,51	
11	0,30	15,22	83,68	206,10	296,20	364,20	502,30	
22	0,01	12,12	32,27	50,52	39,36	91,89	261,50	
U	33	0,01	8,44	12,20	38,05	46,05	48,74	145,80
F	43	0,01	3,24	15,57	31,10	27,07	73,90	0,01
V	44	0,01	2,49	16,55	32,46	21,98	71,39	0,01
	53	0,02	3,27	11,65	25,93	26,33	57,24	0,01
1	54	0,01	2,27	12,39	25,38	23,79	55,03	0,01
	64	0,01	2,29	11,79	25,46	22,47	53,19	0,01
	65	0,01	2,02	10,87	23,55	25,90	36,63	85,76
	66	0,01	3,87	9,12	24,42	24,26	33,77	97,67
UNI	0,35	16,18	86,14	158,34	242,66	241,36	436,26	
11	0,01	15,82	81,05	203,50	315,40	403,80	585,70	
22	0,01	12,65	30,31	45,20	43,49	106,30	320,90	
U	33	0,01	8,30	10,62	36,03	49,57	51,66	188,00
F	43	0,01	3,63	13,82	28,41	31,72	82,92	0,01
V	44	0,01	3,14	14,29	28,27	29,25	81,68	0,01
	53	0,01	3,48	10,42	23,99	29,35	61,74	0,01
2	54	0,01	1,55	12,88	24,47	28,28	57,62	65,84
	64	0,01	2,76	11,54	19,40	39,32	0,01	161,70
	65	0,00	1,38	10,60	20,52	30,55	42,40	129,40
	66	0,01	0,02	9,76	14,43	32,03	39,67	195,10

Pode-se observar na Tabela 7 que as herdabilidades estimadas para os modelos 65 e 66, para a linhagem UFV-1, foram bem similares, reafirmando a possibilidade de se optar pelo modelo mais parcimonioso (65), diferente do comportamento dos mesmos modelos na linhagem UFV-2, que apresentaram variações maiores.

Tabela 7 – Estimativas de herdabilidade de peso por idade, para as duas linhagens e modelos estudados

MODELOS	IDADES (DIAS)						
	1	7	14	21	28	35	42
UNI	0,51	0,28	0,26	0,28	0,35	0,41	0,37
11	0,60	0,03	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
22	0,44	0,03	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
U	33	0,50	0,22	0,28	0,29	0,35	0,42
F	43	0,50	0,25	0,43	0,60	0,67	0,51
V	44	0,50	0,26	0,26	0,31	0,38	0,37
	53	0,50	0,32	0,64	0,72	0,73	0,56
1	54	0,50	0,31	0,52	0,52	0,47	0,42
	64	0,50	0,31	0,51	0,53	0,49	0,43
	65	0,50	0,27	0,26	0,32	0,40	0,43
	66	0,50	0,27	0,26	0,31	0,39	0,43
UNI	0,50	0,19	0,19	0,34	0,40	0,53	0,40
11	0,51	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
22	0,50	0,22	0,26	0,30	0,33	0,31	0,25
U	33	0,50	0,15	0,21	0,26	0,36	0,48
F	43	0,50	0,15	0,37	0,56	0,62	0,47
V	44	0,50	0,15	0,21	0,29	0,38	0,40
	53	0,50	0,18	0,55	0,68	0,69	0,55
2	54	0,52	0,30	0,25	0,23	0,22	0,26
	64	0,50	0,17	0,37	0,47	0,42	0,54
	65	0,51	0,17	0,19	0,31	0,44	0,51
	66	0,68	0,31	0,19	0,30	0,41	0,51

As herdabilidades estimadas foram de médias a altas, concordando com o modelo unicaracterística, com exceção dos modelos 11 e 22, que estimaram herdabilidades próximas de zero. Ton, Martins *et al.*(2006) encontraram herdabilidades baixas, que variaram de 0,05 a 0,07. Dionello, Silva *et al.*(2006) encontraram herdabilidades crescentes, variando de 0,008 ao nascimento a 0,30 aos 42 dias de idade.

Para os dois modelos estudados, as correlações entre peso nas diversas idades, à exceção entre peso ao nascer e os demais pesos, foram de média a alta e positivas (Tabela 8), assim como encontrados por Akbas, Takma *et al.*(2004), no estudo que considera modelo de ordem 6 e homogeneidade de variância residual.

Tabela 8 - Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e ambiente permanente (abaixo da diagonal) entre as idades estudadas, para os modelos escolhidos para as duas linhagens

MODELO $k_a=6$ e $k_c=5$								
	IDADE	1	7	14	21	28	35	42
U	1		0,46	0,41	0,36	0,36	0,40	0,43
F	7	0,24		0,85	0,69	0,56	0,44	0,41
V	14	0,15	0,83		0,94	0,84	0,72	0,65
	21	0,11	0,67	0,96		0,97	0,86	0,79
1	28	0,09	0,53	0,84	0,95		0,95	0,89
	35	0,05	0,38	0,64	0,79	0,93		0,97
	42	0,02	0,27	0,48	0,60	0,73	0,88	
MODELO $k_a=6$ e $k_c=6$								
	IDADE	1	7	14	21	28	35	42
U	1		0,88	0,87	0,73	0,61	0,53	0,52
F	7	0,35		0,79	0,54	0,42	0,35	0,31
V	14	0,29	0,80		0,86	0,70	0,58	0,52
	21	0,32	0,65	0,95		0,96	0,88	0,83
2	28	0,33	0,56	0,85	0,95		0,97	0,94
	35	0,30	0,44	0,71	0,80	0,97		0,99
	42	0,31	0,35	0,59	0,71	0,88	0,97	

As correlações de ambiente permanente estimadas entre os pesos das várias idades tenderam a ser maior entre idades mais próximas, entretanto, isso não foi verificado entre o peso ao nascer (1 dia) e os demais pesos (tabela 8).

Pelos resultados apresentados, verifica-se que os modelos ajustados para as linhagens UFV-1 e UFV-2 apresentam as melhores ordens de ajuste para modelar a curva de crescimento de codornas de corte.

## **CONCLUSÕES**

A utilização de uma função polinomial de Legendre com as ordens 6 para efeito genético aditivo direto e 5 para efeito permanente de animal, para a linhagem UFV-1 e 6 para ambos efeitos aleatórios para a linhagem UFV-2, devem ser utilizados na avaliação genética da curva de crescimento das codornas de corte em estudo.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akbas, Y., Ç. Takma, *et al.* Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. South African Journal of Animal Science, v.34, n.2, p.104-109. 2004.
- Albuquerque, L. G. e K. Meyer. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. Journal of Animal Science, v.79, p.2776 – 2789. 2001.
- Brotherstone, S., I. M. S. White, *et al.* Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. Journal of Animal Science, v.70, p.417-416. 2000.
- Costa, C. N., C. M. R. D. Melo, *et al.* Parâmetros genéticos para a produção de leite do dia do controle da primeira lactação de vacas da raça Holandesa estimadas por regressão aleatória com polinômios de Legendre. Revista Brasileira de Zootecnia, v.37, n.4, p.602-608. 2008.
- Dias, L. T., L. G. D. Albuquerque, *et al.* Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. Revista Brasileira de Zootecnia, v.35, n.5, p.1915-1925. 2006.
- Dionello, N. J. L., G. S. S. Corrêa, *et al.* Efeitos maternos e permanentes na avaliação genética de linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. João Pessoa, PB: Anais... João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006 (CD-ROM), 2006. p.
- Dionello, N. J. L., M. A. Silva, *et al.* GENETIC EVALUATION OF EUROPEAN QUAIL BY RANDOM REGRESSION ANALYSES. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, MG, Brasil. August 13-18, 2006. p.
- El Faro, L. e L. G. Albuquerque. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. Revista Brasileira de Zootecnia. 32: 1104-1113 p. 2003.
- Henderson Jr., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. Biometrics. 38: 623-640 p. 1982.
- Kirkpatrick, M., W. G. Hill, *et al.* Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactation in dairy cattle. Genetics Research, v.64, n.57-69. 1994.
- Meyer, K. “DXMRR” – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6. Armidale: Proceedings...Armidale: University of New Wngland (CD ROM), 1998a. p.

\_\_\_\_\_. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. Genetics Selection Evolution, v.30, p.221-240. 1998b.

\_\_\_\_\_. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. Journal of Animal Breeding and Genetics, v.116, p.181-205. 1999.

\_\_\_\_\_. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. Livestock Production Science. 65: 19-38 p. 2000.

\_\_\_\_\_. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. Genetics Selection Evolution. 33: 487-514 p. 2001.

Sakaguti, E. S. Funções de covariância e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã. (Tese de Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000. 81 p.

Sarmiento, J. L. R. Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007. 101 p.

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

Ton, A. P. S., E. N. Martins, *et al.* Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para o peso corporal em codornas de corte. 43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. João Pessoa, PB: Anais...João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia (CD ROM), 2006. p.

Winter, E. M. W. Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, carcaça e composição corporal de codornas para corte (Coturnix sp.). (Dissertação de Mestrado). Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2005. 91 p.