

RAFAEL BASTOS TEIXEIRA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA E ESTUDO DO CRESCIMENTO DE MATRIZES DE
CODORNA DE CORTE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2009

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

T266a
2009

Teixeira, Rafael Bastos, 1982-

Avaliação genética e estudo do crescimento de matrizes de
codorna de corte utilizando modelos de regressão aleatória /
Rafael Bastos Teixeira. – Viçosa, MG, 2009.
98f. : il. ; 29cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Codorna - Genética - Métodos estatísticos. 2. Codorna -
Melhoramento genético. 3. Codorna - Crescimento. 4. Métodos
de regressão aleatória. 5. Animais - Melhoramento genético.
I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 636.594

RAFAEL BASTOS TEIXEIRA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA E ESTUDO DO CRESCIMENTO DE MATRIZES DE
CODORNA DE CORTE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA**

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

APROVADA: 14 de Dezembro de 2009

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Coorientador)

Prof. Sérgio Luiz de Toledo Barreto
(Coorientador)

Prof. Gustavo Henrique de Souza

Prof. Martinho de Almeida Torres

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

À minha família,

Aos meus amigos,

dedico este trabalho.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Departamento de Zootecnia e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste curso.

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

Ao meu orientador, Prof. Robledo de Almeida Torres, pela confiança, pela orientação e pela amizade sincera.

Ao Prof. Ricardo Frederico Euclides de Almeida Torres, pela confiança, pela coorientação e pelas musicas terapêuticas.

Aos Professores Paulo Sávio Lopes, Sergio Luiz de Toledo Barreto e Antonio Policarpo Souza Carneiro, pelos valiosos ensinamentos durante todo o curso e pelas sugestões.

Ao professor Martinho de Almeida e Silva, da Universidade Federal de Minas Gerais, pelo apoio, pela consideração e também pelos ensinamentos.

Aos colegas do Instituto Federal Minas Gerais Campus Bambuí pela convivência e a oportunidade de crescimento profissional.

Aos colegas e amigos de curso, Marcos Yamaki, Alex, Ana Luísa, André, Carlos, Carla, Cristina, Débora, Fábio Luiz, Fernanda, Frederico, Gilberto, Gustavo, Humberto, Isabela, Jane, João Cruz, José Lindenberg, Leandro, Lidiane, Luciara, Mário, Marcelinho, Mariele, Kleibe, Katiene, Patrícia e Rodrigo pela amizade, companheirismo e pelo convívio agradável.

Aos amigos Rodrigo Galego, Marcos, Mariele e André, pelo constante incentivo e pelos momentos agradáveis e descontraídos.

Aos meus eternos estagiários e amigos da Granja de Melhoramento de Aves, Aline, Luciano, Abreu, Jéferson, Helmut, Felipe, Vítor, Rodriguinho e Vinícius, pelo empenho e dedicação no dia-a-dia, que muito me ajudaram na elaboração desse trabalho.

Aos funcionários da Granja de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa, pela ajuda e momentos de descontração.

Aos velhos amigos Leonardo, André, Rodrigo, Wilton, Tiago, Carla, Eliseu, Jovani, Túlio, Talles, Tatiane e Fabrício, pelo companheirismo, pela atenção e pelo aprendizado ao longo destes anos.

À turma de Zootecnia 2001, que sempre estará guardada, com muito carinho, em minha memória;

Aos meus pais, Hipólito Cassiano Teixeira e Maria do Carmo Bastos Teixeira, por tudo que fizeram e fazem por mim.

Ao meu irmão, pelo incentivo e amizade.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

RAFAEL BASTOS TEIXEIRA, filho de Hipólito Cassiano Teixeira e Maria do Carmo Bastos Teixeira, nasceu em Viçosa, MG, em 5 de julho de 1982.

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

De agosto de 2004 a maio de 2006, foi bolsista de Iniciação Científica do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), na Granja de Melhoramento de Aves, na área de Melhoramento Genético de Frango de corte.

Em maio de 2006, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se ao exame final de defesa de dissertação em Fevereiro de 2008.

Em março de 2008, iniciou o curso de Doutorado em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se ao exame final de defesa de tese em 14 de dezembro de 2009.

Em dezembro de 2008, foi contratado, por concurso público, como professor assistente, para ministrar aulas de Melhoramento Animal, no Departamento de Zootecnia do Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Minas Gerais (IFMG) - Campus Bambuí.

ÍNDICE

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	xi
1. INTRODUÇÃO.....	14
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	17
2.1. Parâmetros genéticos.....	17
2.2. Componentes principais.....	21
2.3. Regressão aleatória.....	23
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29

CAPÍTULO I

Avaliação fenotípica, genotípica e de componentes principais de duas linhagens de matrizes de codorna de corte.

RESUMO.....	37
ABSTRACT.....	39
1.INTRODUÇÃO.....	41
2.MATERIAL E MÉTODOS.....	43
2.1 Seleções dos grupos genéticos.....	43
2.2 Características avaliadas.....	44
2.3 Modelos e análises.....	46
3-RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	49
3.1 Estatística descritiva	49
3.1.1 Características de qualidade e produção de ovos.....	49
3.1.2 Características de crescimento.....	53
3.1.3 Características de forma de ovos.....	54

3.2 Estimações dos componentes de variância dos grupos genéticos UFV1 e UFV2 utilizando análises univariadas.....	55
3.2.1 Características de qualidade e produção de ovos.....	55
3.2.2 Características de crescimento.....	59
3.2.3 Características de forma de ovo.....	62
3.3 Avaliação de características quantitativas de matrizes de codorna de corte por meio de componentes principais	63
3.3.1 Grupo genético UFV1.....	63
3.3.2 Grupo genético UFV2.....	65
3.4 Estimações dos componentes de variância dos grupos genéticos UFV1 e UFV2 utilizando análises multicaracterística das características selecionadas pela técnica multivariada.....	68
3.3.1 Grupo genético UFV1.....	68
3.3.2 Grupo genético UFV2.....	69
4. CONCLUSÃO	73
5.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	74

CAPÍTULO II

Avaliação do crescimento de matrizes de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória

RESUMO.....	79
ABSTRACT.....	81
1.INTRODUÇÃO.....	82
2.MATERIAL E MÉTODOS.....	84
3.RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	88
3.1 Grupos genéticos UFV1 e UFV2.....	88
3.2 Modelos de regressão aleatória.....	89
3.2.1 Grupos genéticos UFV1 E UFV2.....	89
4. CONCLUSÃO	96
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	97

RESUMO

TEIXEIRA, Rafael Bastos Teixeira, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2009. **Avaliação genética e estudo do crescimento de matrizes de codorna de corte utilizando modelos de regressão aleatória.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. CoOrientadores: Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Ricardo Frederico Euclides.

Foram avaliados dados de dois grupos genéticos de matrizes de codorna de corte. O primeiro, composto das informações dos 1026 animais do grupo genético UFV1 e, o segundo, por 1110 codornas do grupo genético UFV2. As características utilizadas na análise foram: peso da ave (P0, P7, P14, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147), peso médio do ovo (POM1, POM2, POM3 e POM4), peso médio da casca (PCM1, PCM2, PCM3 e PCM4), peso médio da gema (PGM1, PGM2, PGM3 e PGM4), peso médio do albúmen (PAM1, PAM2, PAM3 e PAM4), gravidade específica média do ovo (DM1, DM2, DM3 e DM4), largura média do ovo (LOM1, LOM2, LOM3 e LOM4), comprimento médio do ovo (COM1, COM2, COM3 e COM4), número de ovos (N1, N2, N3 e N4) e idade ao primeiro ovo (IDPO). Foram realizadas análises estatísticas de variância e teste de médias (teste Fischer a 5% de probabilidade) e, para estimar os componentes de variância, foram realizadas análises unicaracterísticas. Utilizou-se a metodologia de componentes principais para definir as variáveis de maior importância nas populações estudadas. Também foram realizadas análises bicaracterísticas para estimação das covariâncias e correlações genéticas das características selecionadas pela técnica de componentes principais. A linhagem UFV2 mostrou-se superior em relação à linhagem UFV1 para as características estudadas. As estimativas de herdabilidade das características estudadas do

grupo genético UFV1 foram POM1(0,27), POM2(0,30), POM3(0,54), POM4(0,43), PGM1(0,13), PGM2(0,21), PGM3(0,21), PGM4(0,26), PCM1(0,41), PCM2(0,46), PCM3(0,38), PCM4(0,47), PAM1(0,38), PAM2(0,42), PAM3(0,54), PAM4(0,54), DM1(0,31), DM2(0,15), DM3(0,36), DM4(0,31), IDPO(0,16) e TXT(0,10). As estimativas de herdabilidade das características selecionadas no grupo genético UFV2 foram POM1(0,17), POM2(0,36), POM3(0,55), POM4(0,40), PGM1(0,18), PGM2(0,30), PGM3(0,37), PGM4(0,33), PCM1(0,21), PCM2(0,33), PCM3(0,46), PCM4(0,49), PAM1(0,25), PAM2(0,29), PAM3(0,55), PAM4(0,35), DM1(0,18), DM2(0,16), DM3(0,44), DM4(0,22), IDPO(0,10) e TXT(0,03). A análise de componentes principais indicou como importantes para a linhagem UFV1 as variáveis P7, P14, P77, P147, LOM4, COM2, PGM1, PGM2 e IDPO. De um total de 31 características mensuradas, 9 foram responsáveis por 81,85% da variância total. A análise de componentes principais indicou como importantes para a linhagem UFV2 as variáveis P7, P35, P147, COM1, COM2, COM3, PCM3, PAM4 e TXT. De um total de 30 características mensuradas, 9 foram responsáveis por 79,91% da variância total. Foram testadas duas possíveis modelagens de variância residual heterogênea, sendo agrupadas em 3 classes de idade: CL3: 1-7-14, 21-28-35 dias e 42-77-112-147 dias e 5 classes de idade: CL5: 1-7, 14-21, 28-35, 42-77 e 112-147 dias de idade. Após a escolha da variância residual a ser utilizada na análise, foi realizado o estudo do modelo de regressão aleatória que se melhor aplica-se a curva de crescimento das matrizes. 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. O modelo que considerou a heterogeneidade de variância residual com 3 classes mostrou-se adequado à linhagem UFV1 e o modelo com 5 classes mostrou-se adequado à linhagem UFV2. A utilização de uma função polinomial de Legendre, com as ordens 5, para efeito genético aditivo direto e 5, para efeito permanente de animal, para a linhagem UFV1, e de ordens 3, para efeito genético aditivo direto e 5, para efeito permanente de animal para a linhagem UFV2, devem ser utilizados na avaliação genética da curva de crescimento de matrizes de codornas de corte em estudo.

ABSTRACT

TEIXEIRA, Rafael Bastos Teixeira, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, December 2009. **Genotypic evaluation and Growth evaluation of meat-type quail hens using random regression models.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-Advisers: Sérgio Luiz de Toledo Barreto and Ricardo Frederico Euclides.

Data from two genetic groups of meat-type quail hens were evaluated, first group with records from 1.026 animals from genetic group UFV1, and the second, with records from 1.110 animal from UFV2. The evaluated traits were: Live weight (P0, P7, P14, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147), average egg weight (POM1, POM2, POM3 e POM4), average weight of egg shell (PCM1, PCM2, PCM3 e PCM4), average yolk weight (PGM1, PGM2, PGM3 e PGM4), average albumen weight (PAM1, PAM2, PAM3 e PAM4), average specific gravity of the egg (DM1, DM2, DM3 e DM4), average width of the egg (LOM1, LOM2, LOM3 e LOM4), average length of the egg (COM1, COM2, COM3 e COM4), number off eggs (N1, N2, N3 e N4) and age of first egg (IDPO). Statistical variance and test means (Fischer at 5%) were carried out and single trait analysis were made to estimate components of variance. Principal component analysis were made to define variables of major importance on the studied populations. Two-trait analysis were also carried out for estimation of covariance and genetic correlations of the selected traits from principal component technique. UFV2 group was superior in all traits. Heritabilities from UFV1 were POM1(0,27), POM2(0,30), POM3(0,54), POM4(0,43), PGM1(0,13), PGM2(0,21), PGM3(0,21), PGM4(0,26), PCM1(0,41), PCM2(0,46), PCM3(0,38), PCM4(0,47), PAM1(0,38),

PAM2(0,42), PAM3(0,54), PAM4(0,54), DM1(0,31), DM2(0,15), DM3(0,36), DM4(0,31), IDPO(0,16) and TXT(0,10). Heritabilities of the selected traits on UFV2 were POM1(0,17), POM2(0,36), POM3(0,55), POM4(0,40), PGM1(0,18), PGM2(0,30), PGM3(0,37), PGM4(0,33), PCM1(0,21), PCM2(0,33), PCM3(0,46), PCM4(0,49), PAM1(0,25), PAM2(0,29), PAM3(0,55), PAM4(0,35), DM1(0,18), DM2(0,16), DM3(0,44), DM4(0,22), IDPO(0,10) and TXT(0,03). Principal components analysis pointed variables P7, P14, P77, P147, LOM4, COM2, PGM1, PGM2 and IDPO as main important for UFV1. From 31 recorded traits, 9 were responsible for 81.85% of total variation. For UFV2, P7, P35, P147, COM1, COM2, COM3, PCM3, PAM4 and TXT were pointed as main important, and 9, out of 30 recorded traits, were responsible for 79.91% of total variation. Two possible models of heterogenic residual were tested being grouped in three age classes: CL3: 1-7-14, 21-28-35 days and 42-77-112-147 days and five age classes: CL5: 1-7, 14-21, 28-35, 42-77 e 112-147 days of age. After choosing the residual variance to be used on the analysis, an evaluation was carried out to find out the best random regression model to fit the growth curve of the hens. The comparison among the models were done by Akaike's information Criteria (AIC), Schwartz's Bayesian information Criteria (BIC), logarithm likelihood function ($\text{Log}_e L$) and Likelihood ratio test, 1%. The model considering heterogeneity residual variance showed to be reliable for UFV1 group and model with 5 classes for UFV2. The use of Legendre's polynomial, with 5 orders, for direct genetic additive effect and 5, for permanent animal effect for UFV1 and orders 3, for for direct genetic additive effect and 5, for permanent animal effect

for UFV2, should be used for the evaluation of growth curve for the studied meat-type quail hens.

1-INTRODUÇÃO GERAL

A coturnicultura é um ramo relativamente novo, e vem se tornando atividade de grande destaque no cenário nacional. Primeiramente, as codornas foram trazidas para o Brasil, para serem utilizadas em esportes de caça. Após isso, foram descobertas outras vantagens dessas aves, principalmente a produção de ovos e de carne.

A coturnicultura no Brasil vem crescendo de maneira considerável e se tornando atividade extremamente atrativa e rentável para o agronegócio brasileiro. A razão deste sucesso é a possibilidade de rápido retorno do capital investido, aliado à qualidade excepcional de sua carne e pelo alto valor nutritivo e sabor agradável de seu ovo, o que tem resultado em crescente demanda do mercado consumidor por estes produtos.

Dentro da avicultura nacional, se torna mais uma opção, para pequenos ou grandes produtores rurais. O crescimento da coturnicultura encontra barreiras que dificultam a exploração e maximização da produção. Uma dessas dificuldades é falta de estudo dos potenciais produtivos sobre as principais linhagens disponíveis, seja para produção de ovos ou carne.

À semelhança do que acontece na avicultura industrial, a coturnicultura tende à especialização de tarefas. Isto implica na existência também de aviários de codornas, especializados em seleção (avozeiro), multiplicação (matrizeiro) e em produção.

A produção de carne foi, durante longo tempo, atividade secundária, caracterizada pelo abate de machos não utilizados na reprodução e de fêmeas

de descarte especializadas para produção de ovos, após o ciclo produtivo. Atualmente, já se dispõe da variedade européia, que é especializada para produção de carne, mas há criadores que criam essas aves com o objetivo de produzir carne e ovos. Porém existem poucos dados de desempenho produtivo, na literatura, para matrizes de corte na fase de postura. Deve-se salientar que a carne de codorna é fonte de proteína de excelente qualidade e com grande aceitação em todas as camadas sociais.

Em codornas, o Brasil não dispõe de material genético próprio especializado, tanto para ovos quanto para corte, o que torna a coturnicultura dependente de importação de material genético de outros países. Torna-se necessária a implantação de programas de melhoramento genético, que buscam acompanhar o desenvolvimento e a evolução das características de importância econômica de cada linhagem e de seus cruzamentos disponíveis.

Para isto, a avaliação da estrutura das populações disponíveis, por meio da estimação dos parâmetros genéticos e das correlações genéticas e fenotípicas, são imprescindíveis para se definirem objetivos e critérios de seleção.

Os ciclos envolvidos na produção de linhagens, quer o referente à seleção das linhas puras embasados nas variações genéticas aditivas, quer o da seleção dos cruzamentos entre essas linhas puras, nos quais as variações epistáticas ou de sobredominância tornam-se importantes, são longos e exigem recursos ao lado da continuidade dos programas.

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 multicaracterísticas, 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.

Objetivou-se, no presente trabalho, determinar e avaliar o desempenho produtivo e reprodutivo de diferentes linhagens de matrizes de codornas de corte; Estimar os parâmetros genéticos e as correlações genéticas das características mensuradas; Verificar a importância das características avaliadas no programa de melhoramento genético de aves da Universidade Federal de Viçosa por meio de componentes principais; Comparar diferentes modelos de regressão aleatória, ajustados por meio de funções polinomiais de Legendre de diferentes ordens, para determinar o que melhor se ajusta ao estudo genético da curva de crescimento de matrizes de codornas de corte.

2- REVISÃO DE LITERATURA

2.1- Parâmetros Genéticos

Em função do mercado globalizado e da grande concorrência, deve-se reduzir os custos de produção, para que se obtenham produtos mais competitivos. Em codornas, dependendo do segmento de produção, as características de interesse serão diferentes. No caso dos produtores, os principais objetivos são melhorar: a postura, a eclosão, o peso adulto, o consumo alimentar, o crescimento, a eficiência alimentar e a viabilidade das matrizes. Por outro lado, o rendimento, a gordura, a porcentagem de cortes nobres e os defeitos da carcaça são determinantes para o abatedouro e, finalmente, a aparência visual da carcaça e dos cortes nobres, ovos grandes, ovos com cascas resistentes, qualidade interna dos ovos e valor nutricional são de interesse do consumidor.

Singh & Panda (1987) utilizaram quatro linhagens de codornas (*Coturnix coturnix japonica*); EL (linhagem de postura), WEL (linhagem de postura de ovos de casca branca), ML (linhagem de corte) e CL (linhagem de corte controle) objetivando-se avaliar o efeito da linhagem e das estações do ano sobre a qualidade do ovo. Os autores observaram diferenças significativas de linhagens e de estação do ano, sobre a qualidade da gema, do albúmen e da casca. Ricklefs & Marks (1983) avaliaram a qualidade dos ovos de quatro linhagens de

codornas selecionadas para ganho de peso às quatro semanas de idade e obtiveram diferenças significativas para porcentagem de gema.

Almeida (2001), ao estudar o efeito da interação linhagem e nível protéico da dieta para fêmeas de codornas de corte em crescimento, relata que fêmeas da linhagem japonesa iniciam sua postura antes das fêmeas da linhagem italiana. As fêmeas da linhagem italiana, no período de 42 a 49 dias de idade, apresentaram menor consumo de dieta que as da linhagem japonesa, com melhor capacidade de aproveitamento do alimento.

Akbar et al. (1983) investigaram os efeitos do grupo genético, da idade e da dieta sobre a composição dos ovos e encontraram diferenças significativas entre os grupos genéticos para porcentagem de gema e de albúmen e peso da casca dos ovos. Contudo, Altan et al. (1998) e Piccinin (2002) não encontraram diferenças para porcentagem de gema e albúmen entre os grupos genéticos de codornas japonesas.

MINVIELLE (1998) apresentou uma revisão sobre o melhoramento genético de codornas para a produção. As informações levantadas indicam valores de herdabilidade para peso corporal entre 0,47 e 0,74. Para a produção de ovos entre 0,32 e 0,39. E para peso do ovo, entre 0,35 e 0,62, mostrando que ganhos genéticos podem ser obtidos. Adicionalmente, os valores para as correlações genéticas do número de ovos com o peso corporal e com o peso do ovo, variaram respectivamente de 0 a -0,21 e de -0,19 a -0,55.

Correlações genéticas negativas, entre maturidade sexual e o peso do ovo, foram descritas por PRAHARAJ et al. (1990). Tanto estes autores como

DHALIWAL et al. (2002) e MINVIELLE et al. (2002) também estimaram correlação genética negativa entre maturidade sexual e produção de ovos. AMIT et al. (2000) determinaram parâmetros genéticos de algumas características produtivas e reprodutivas em codornas japonesas. Segundo os autores, as estimativas de correlações genéticas e fenotípicas, entre a idade ao primeiro ovo e os pesos do primeiro ovo, na 12^a semana, foram positivas, enquanto a idade ao primeiro ovo correlacionou-se negativamente com a produção de ovos até a 12^a semana de produção.

O aumento do peso corporal com o aumento da idade à maturidade sexual também foi observado e a correlação genética positiva entre estes dois critérios foi estimada em muitos trabalhos (ROY; KOLEY; CHOUDHURI, 1992; GUNES; CERIT, 2001; AKTAN et al., 2003).

Marks et al. (1964) estimaram herdabilidades de 0,38 e 0,40 para a característica número de ovos, em duas populações de codornas japonesas, e herdabilidades da idade ao primeiro ovo e da percentagem de produção diária, por fêmea, em 0,36 e 0,46.

Maior fertilidade e eclodibilidade têm sido observadas em codornas do gênero coturnix, em ovos intermediários a grandes, isto é, aqueles acima de 8,5g (Narahari et al., 1988) e 9g (Insko et al., 1971), ambos citados por Wilson (1991).

Rezende et al. (2004) observaram que o peso do ovo da codorna européia foi de 10,99 à 13,45g, bem maior do que a da codorna japonesa que varia de 8,95 até 13,45g. A codorna européia apresentou maior massa total de

ovos (16,24Kg) do que a codorna japonesa (12,41Kg), em razão do maior peso do ovo da codorna européia e da mesma taxa de postura.

Albino e Barreto (2003) mencionaram que a codorna japonesa atinge picos de postura de 93% a 95%, enquanto que as européias atingem aproximadamente 80% a 85%, com o peso médio do ovo que varia de 10g para as codornas japonesas a 13g para as codornas européias.

Rezende et al. (2004) observaram que a viabilidade dos ovos da codorna européia é semelhante à japonesa e decresce com a idade das codornas.

Estudando diferentes grupos genéticos de codornas japonesas, Altan et al. (1998) e Piccinin (2002) não encontraram diferenças para a porcentagem de gema e albúmen dos ovos dessas aves. Entretanto, são poucas as informações sobre o potencial produtivo da linhagem italiana em relação à linhagem japonesa, para consumo de dieta, conversão alimentar por dúzia e quilograma de ovos e à qualidade dos ovos.

Rezende et al. (2004) citam que, nas primeiras 18 semanas de postura, a codorna européia apresentou viabilidade média de 91,98%, bem próxima à da codorna japonesa (93,12%).

Avaliando parâmetros genéticos para peso de ovo e peso corporal em codornas de postura, Hidalgo et al. (2007) obtiveram estimativas de herdabilidade para peso corporal aos 70,100 e 130 dias de idade, iguais a 0,78, 0,84 e 0,85, respectivamente. Para peso dos ovos aos 70, 100 e 130 dias de idade, as estimativas de herdabilidade foram respectivamente, 0,47, 0,35 e 0,24.

As correlações genéticas obtidas foram altas (0,81 a 0.96), entre essas características.

Avaliando parâmetros genéticos para a produção e o peso de ovo em três grupos genéticos de codornas de postura, Silva et al. (2007) obtiveram resultados inesperados de correlação positiva entre essas variáveis até aos 90 dias, o que indicaria que a seleção para tamanho no ovo não reduziria a produção até 90 dias.

2.2- Componentes principais

A análise de componentes principais é uma técnica estatística de análise multivariada que transforma linearmente um grupo de variáveis em um conjunto significativamente menor, de variáveis não correlacionadas, que serão responsáveis pela maior parte da variação do conjunto original. Esta ideia foi desenvolvida por Hotelling (1933), embora Person (1901) já tivesse proposto tal metodologia sob uma forma geométrica.

A ideia principal desse procedimento é de que poucos, dentre os primeiros componentes principais, contenham a maior variabilidade dos dados originais. Assim, os demais componentes podem ser descartados, o que reduz o número de variáveis.

Para começar a análise de componentes principais, é avaliada a multicolinearidade ou dependência linear, entre as variáveis, que pode resultar em formação de matrizes singulares ou mal condicionadas.

Existe multicolinearidade quando há associação forte entre as variáveis estudadas. Entre os efeitos peculiares de uma elevada multicolinearidade podem ser citadas estimativas inconsistentes do coeficiente de regressão e também uma superestimativa dos efeitos diretos das variáveis explicativas, sobre a variável resposta, o que pode levar a interpretação equivocada (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

O grau de multicolinearidade da matriz pode ser estabelecido com base no número de condições, que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz. De modo prático, quando o número de condições for menor do que 100, a multicolinearidade é fraca; entre 100 a 1000, a multicolinearidade é moderada a forte e, finalmente, quando maior do que 1000, a multicolinearidade é severa (MONTGOMERY & PECK, 1981).

Quando o grau de multicolinearidade é fraco, ele não constitui problema sério para análise (CARVALHO et al., 1999). Por isso, devem ser descartadas as variáveis responsáveis por este viés na análise, e realizar posteriormente a análise de componentes principais.

O método de análise de componentes principais, relatado por Barbosa (2003), consiste em transformar a partir da matriz de correlação, um conjunto de variáveis Z_1, Z_2, \dots, Z_p em novo conjunto de variáveis Y_1 (CP_1), Y_2 (CP_2), ..., Y_p (CP_p), não-correlacionadas entre si e arranjadas numa ordem decrescente de variância. A idéia principal é de que poucos, dentre os primeiros componentes principais, contenham a maior variabilidade dos dados originais.

Assim, os demais componentes podem ser descartados, o que reduz o número de variáveis.

2.3- Regressão aleatória

O Brasil já dispõe de alguns programas de melhoramento de codornas desenvolvido em bases técnicas. Porém, a prática corrente tem sido a reprodução do material disponível que, pela deficiência de controle e falta de esquemas de seleção adequados, sofre problemas de depressão pela endogamia, resultando em redução de postura, queda de fertilidade e aumento de mortalidade (MARTINS, 2002).

A avaliação da curva de crescimento das matrizes de codorna de corte ao longo do ciclo da produção de ovos é de grande importância, visto que o peso corporal das aves tem grande influência sobre diversas características de produção e reprodução das aves.

Modelos de regressão aleatória (MRA) foram usados para a estimação de parâmetros genéticos para peso (Huisman *et al.*, 2002) e tamanho da leitegada em suínos (Luković *et al.*, 2004), tendo-se obtido excelente ajuste na curva de crescimento. Entretanto, seu emprego para o estudo de dados longitudinais em aves ainda é restrito, podendo-se documentar apenas os trabalhos de Mielenz *et al.* (2002), Quinton *et al.* (2002) e Anang *et al.* (2002), com curva de postura. Muitos aspectos ainda precisam ser estudados, antes que este método possa ser empregado, rotineiramente, nas avaliações genéticas na avicultura.

No contexto avícola, esta metodologia permitiria a determinação de parâmetros genéticos e fenotípicos, e a avaliação genética dos animais, mediante a utilização de todos os dados, de espécies cujo desenvolvimento ainda não estão totalmente descritos, como é o caso da perdiz e da codorna.

O processo de desenvolvimento de linhagens passa primeiramente pela avaliação da estrutura das populações disponíveis, por meio da estimação da variabilidade genética existente nas características economicamente importantes e das correlações entre elas. Métodos adequados para estimar estes parâmetros populacionais são descritos por GIANOLA e FERNANDO (1986). Essas informações permitem predizer os ganhos genéticos possíveis de serem alcançados nas características usadas como critério de seleção, e as alterações nas demais características economicamente importantes, provocadas pelas respostas correlacionadas à seleção praticada.

As codornas européias são fenotipicamente muito semelhantes às codornas japonesas, porém apresentam peso vivo entre 200 e 300 gramas, temperamento mais calmo e maior peso de ovos, mantendo a precocidade de maturação sexual, característica das codornas destinadas à produção de ovos (GARCIA, 2002).

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 do mesmo caráter (Johnston e Bunter, 1996; Pereira et al., 2000), ou com modelo

de uni ou multicaráter, que considera cada medida como um caráter diferente (Johnston e Bunter, 1996; Gressler et al., 2000).

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

Mais recentemente, os MRA têm sido propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais, pois suas funções de covariância resultantes são os mais apropriados para esta análise destes. Segundo El Faro e Albuquerque (2003), os MRA podem ser chamados também de modelos de dimensão infinita, uma vez que existem medidas infinitas por indivíduo e tais medidas são mais correlacionadas, quanto mais próximas entre si.

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; Meyer, 2000; Albuquerque e Meyer, 2001).

Tais modelos também permitem ajustar uma trajetória aleatória para cada indivíduo como desvios de uma trajetória média da população, descrevendo os desvios genéticos a partir de regressões fixas, permitindo que cada animal tenha

uma forma diferente da trajetória de seus desempenhos em termos genéticos (Mercadante et al., 2002).

Nobre et al. (2003a, 2003b) estimaram parâmetros genéticos e analisaram a curva de crescimento da raça Nelore, comparando o modelo multicaráter com os modelos de regressão aleatória e concluíram que as diferenças favoráveis às estimativas obtidas por MRA foram, principalmente, atribuídas às estimativas dos parâmetros obtidas por este método.

Segundo Queiroz et al. (2004), ao compararem 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, positivas e de baixa a moderada magnitude, sugerem haver grandes diferenças de classificação dos animais quando os dois métodos são comparados. Tal estudo permitiu concluir que os melhores animais escolhidos pelo método de regressão aleatória apresentam classificação diferente daqueles destacados pelas análises unicaracterísticas. O modelo empregando regressão aleatória, diferentemente das análises unicaracterísticas, discriminou, ao longo dos anos, ganhos genéticos positivos na população.

El Faro e Albuquerque (2003) comentam que um conceito que vem sendo abordado quando se trabalha com MRA diz respeito às funções de covariância. As funções de covariância 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.

Analisando dados de peso-idade de bovinos Nelore, nascidos e criados no estado de Pernambuco, Santoro et al. (2004) utilizaram funções de covariância na descrição do crescimento dos bovinos, estudando diferentes MRA na descrição da variabilidade interindividual destes dados de crescimento.

Segundo El Faro e Albuquerque (2003), o grande interesse em relação às Funções de Covariâncias 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. .

Durante a última década, análises ajustando os MRA têm se tornado o procedimento padrão para análises de dados obtidos na produção animal, em que as características de interesse são medidas repetidamente e, por meio de suas covariâncias, mudam em uma escala contínua (Meyer, 2005).

A principal motivação para utilização de funções ortogonais para estimar a função de covariância genética aditiva é que a matriz de coeficientes pode ser utilizada para analisar os modelos aninhados. Em particular, a matriz de correlação pode ser usada para calcular os autovalores e autofunções das funções de covariância genética aditiva (Kirkpatric et al., 1990), que é útil para descrever os modelos de variação (Kirkpatric et al., 1994).

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 MRA descrevem os desvios genéticos a partir da regressão fixa, permitindo que cada animal tenha um formato diferente da curva de crescimento em um nível genético.

3- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKBAR, M.K.; GAVORA, J.S.; FRIARS, G.W. et al. Composition of eggs by commercial sizes categories: Effects of genetic group, age, and diet. **Poultry Science**, v.62, n.6, p.925-933, 1983.

ALBINO, L.F.T.; BARRETO, S.L.T. **Criação de codornas para produção de ovos e carne**. Viçosa, MG: Aprenda Fácil, 2003. 289p.

ALBURQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *Journal of animal science*, v.79, p2776-2789, 2001.

ALMEIDA, M.I.M. **Efeito de linhagem e de nível protéico sobre o desempenho e características de carcaça de codornas (*Coturnix sp*) criadas para corte**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2001. 96p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético) - Universidade Estadual Paulista, 2001.

ALTAN, O.; OGUZ, I.; AKBAS, Y. Effects of selection for body weight and age of hen on egg characteristics in japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). **Turkish Journal Veterinary Animal Sciences**, v.22, n.6, p.467-473, 1998.

AMIT, K. et al. Genetic parameters of some production and reproduction traits in Japanese quail. **Indian Journal of Animal Health**, v.39, n.1, p.51-53, 2000.

ANANG, A. et al. Monthly model for genetic evaluation of laying hens. II Random regression. **British Poultry Science**, v.43, n.3, p. 384-390, 2002.

BARBOSA, L. **Utilização de técnicas de análise multivariada na avaliação de características quantitativas de uma população F2 de suínos**. 2003. 80f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) –Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, v.2, 2003. 585 p.

DHALIWAL, S. K.; CHAUDHARY, M. L; BRAH, G. S. Inheritance of body weight and egg production characters and their interrelationships in Japanese quails. **Journal of Livestock and Poultry Production**, v.18, n.3-4, p.1-8, 2002.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Rev. Bras. Zootec.**, v.32, p.1104-1113, 2003.

GARCIA, E. A.; MENDES, A. A.; PIZZOLANTE, C. C. Performance of layer quail fed corn meal or layer diet during a post molt period. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v. 4, n. 2, p. 119-124, 2002.

GRESSLER, S. L., BERGMAN, J. A. G., PEREIRA, A. S. et al. 2000. Estudo das associações entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas Nelore. **R. Soc. Bras. Zootec.**, v.29, p. 427 – 437, 2000.

HIDALGO, A.M.. et.al. Parâmetros genéticos para peso do ovo e peso corporal em codornas de zxc postura. . In: III SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, II CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA 2007, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2007. p. 219.

HOTELLING, H., Review of The Triumph of Mediocrity in Business, by Horace Secrist, **Journal American Statistical Association**, 28, p.463-465,1933.

HUISMAN, A. E. et al. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**. v. 80, p. 575-582, 2002.

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

MARKS, H.L., KINNEY JR, T.B. Estimates of some genetic parameters in coturnix quail. **Poultry Science** , v.43, p. 1338. 1964. (Abstract).

MARTINS, E. N. Novos conceitos aplicados à produção de codornas. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 1., 2002, Lavras. Anais... Lavras: UFLA, 2002. p. 109-112.

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**. v 31: n.1726 – 1733, 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.

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, n.1, p.19-38, 2000.

MIELENZ, N.; NOOR, R.R; SCHUELLER, L et al.. Estimation of additive and non-additive genetic variances of body weight, egg weight and egg production in quail, using animal models. In: WORLD'S POULTRY CONGRESS, XXII, 2002,

Istanbul. **Proceedings...** Istanbul: Turkey. World's Poultry Congress & Exhibition, [2004] (CD-ROM)

MINVIELLE, F. Genetics and breeding of Japanese quail for production around the world. In: ASIAN PACIFIC POULTRY CONGRESS, 6th. Nagoia. **Proceeding...** Nagoia: Japan Poultry Science Association. p.122-127, 1988.

MINVIELLE, F.; MILLS, A.D.; FAURE, J.M. et al. Fearfulness and performance related traits in selected lines of Japanese quail (*Coturnix japonica*). **Poultry Science**, v.81, n.3, p.321- 326, 2002.

MONTGOMERY, D.C. e PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York : J. Wiley, 1981. 504p.

Narahari, D., K. Abdul Mujeer, A. Thangavel, N. et al. Traits influencing the hatching performance of Japanese quail eggs. **Br. Poult. Sci.** v.29:p.101–112, 1988.

OLORI, V.E.; HILL, W.G.; McGUIRK, B.J. et al. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, v.61, p.53-63, 1999.

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

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to system of point in space , Philosophical Magazine, 2: pp 550-572, 1901, disponível em <http://pbil.univ-lyon1.fr/R/pearson190.pdf> .

PICCININ, A. **Efeito da interação genótipo-ambiente nas características dos ovos de codornas (*Coturnix coturnix japonica*) e sua curva de produção**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2002. 53p. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista, 2002.

PRAHARAJ, N. K; AYYAGARI, V.; MOHAPATRA, S. C. et al. Developments in processing quail meat an eggs. **World's Poultry Science Journal**, Ithaca, NY, v. 46, n. 11, p. 219-234, 1990.

Queiroz, S. A. e L. C. Pelicioni, 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.

QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M.E., et al. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v.70, p.1060-1067, 1992.

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

REZENDE, M. J.M. Viabilidade e qualidade dos ovos da codorna européia nas primeiras dezoito semanas. In: II SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 2004, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2004. p. 229.

RICKLEFS, R.E. e MARKS, H.L. Egg characteristics of lines japanese quail selected for four-week body mass. **Poultry Science**, v.62, n.6, p.1330-1332, 1983.

ROY, A. M.; KOLEY, N.; CHOUDHURI, G. et al. Genetic studies on some traits of sexual maturity and egg production in the Japanese quail. **Experimental Genetics**, v. 8, n.1, p. 29-33, 1992.

SANTORO, K.R.; BARBOSA, S.B.P.; BRASIL, L.H.A. et al. Estimativas de parâmetros de curvas de crescimento de bovinos Zebu, criados no Estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.2262-2279, 2004.

SILVA, R.M. Parâmetros genéticos para peso do ovo e produção de ovos em três linhagens de codorna de postura. In: III SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, II CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA 2007, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2007. p. 213.

TEIXEIRA, Rafael Bastos Teixeira, D.S. Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2009. Avaliação fenotípica, genotípica e de componentes principais de duas linhagens de matrizes de codorna de corte. Orientador: Robledo de Almeida Torres. Co-Orientadores: Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Ricardo Frederico Euclides.

Foram avaliados dados de dois grupos genéticos de matrizes de codorna de corte. O primeiro, composto das informações dos 1026 animais do grupo genético UFV1 e, o segundo, por 1110 codornas do grupo genético UFV2. As características utilizadas na análise foram: peso da ave (P0, P7, P14, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147), peso médio do ovo (POM1, POM2, POM3 e POM4), peso médio da casca (PCM1, PCM2, PCM3 e PCM4), peso médio da gema (PGM1, PGM2, PGM3 e PGM4), peso médio do albúmen (PAM1, PAM2, PAM3 e PAM4), gravidade específica média do ovo (DM1, DM2, DM3 e DM4), largura média do ovo (LOM1, LOM2, LOM3 e LOM4), comprimento médio do ovo (COM1, COM2, COM3 e COM4), número de ovos (N1, N2, N3 e N4) e idade ao primeiro ovo (IDPO). Foram realizadas análises estatísticas de variância e teste de médias (teste Fischer a 5% de probabilidade) e, para estimar os componentes de variância, foram realizadas análises unicaracterísticas. Utilizou-se a metodologia de componentes principais para definir as variáveis de maior importância nas populações estudadas. Também foram realizadas análises bicaracterísticas para estimação das covariâncias e correlações genéticas das características selecionadas pela técnica de componentes principais. A linhagem UFV2 mostrou-se superior em relação à linhagem UFV1 para as características estudadas. As estimativas de herdabilidade das características estudadas do grupo genético UFV1 foram POM1(0,27), POM2(0,30), POM3(0,54),

POM4(0,43), PGM1(0,13), PGM2(0,21), PGM3(0,21), PGM4(0,26), PCM1(0,41), PCM2(0,46), PCM3(0,38), PCM4(0,47), PAM1(0,38), PAM2(0,42), PAM3(0,54), PAM4(0,54), DM1(0,31), DM2(0,15), DM3(0,36), DM4(0,31), IDPO(0,16) e TXT(0,10). As estimativas de herdabilidade das características selecionadas no grupo genético UFV2 foram POM1(0,17), POM2(0,36), POM3(0,55), POM4(0,40), PGM1(0,18), PGM2(0,30), PGM3(0,37), PGM4(0,33), PCM1(0,21), PCM2(0,33), PCM3(0,46), PCM4(0,49), PAM1(0,25), PAM2(0,29), PAM3(0,55), PAM4(0,35), DM1(0,18), DM2(0,16), DM3(0,44), DM4(0,22), IDPO(0,10) e TXT(0,03). A análise de componentes principais indicou como importantes para a linhagem UFV1 as variáveis P7, P14, P77, P147, LOM4, COM2, PGM1, PGM2 e IDPO. De um total de 31 características mensuradas, 9 foram responsáveis por 81,85% da variância total. A análise de componentes principais indicou como importantes para a linhagem UFV2 as variáveis P7, P35, P147, COM1, COM2, COM3, PCM3, PAM4 e TXT. De um total de 30 características mensuradas, 9 foram responsáveis por 79,91% da variância total. Observou-se que existem diferenças entre os dois grupos genéticos analisados, seja pela avaliação fenotípica e genotípica, seja por meio dos componentes principais, além de alta variabilidade genética dentro de cada grupo genético para as características estudadas.

TEIXEIRA, Rafael Bastos Teixeira, D.S. Universidade Federal de Viçosa, December 2009. Phenotypic, genotypic and principal component evaluation of quail meat-type hens. Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-Advisers: Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Ricardo Frederico Euclides.

Data from two genetic groups of meat-type quail hens were evaluated, first group with records from 1.026 animals from genetic group UFV1, and the second, with records from 1.110 animal from UFV2. The evaluated traits were: Live weight (P0, P7, P14, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147), average egg weight (POM1, POM2, POM3 e POM4), average weight of egg shell (PCM1, PCM2, PCM3 e PCM4), average yolk weight (PGM1, PGM2, PGM3 e PGM4), average albumen weight (PAM1, PAM2, PAM3 e PAM4), average specific gravity of the egg (DM1, DM2, DM3 e DM4), average width of the egg (LOM1, LOM2, LOM3 e LOM4), average length of the egg (COM1, COM2, COM3 e COM4), number off eggs (N1, N2, N3 e N4) and age of first egg (IDPO). Statistical variance and test means (Fischer at 5%) were carried out and single trait analysis were made to estimate components of variance. Principal component analysis were made to define variables of major importance on the studied populations. Two-trait analysis were also carried out for estimation of covariance and genetic correlations of the selected traits from principal component technique. UFV2 group was superior in all traits. Heritabilities from UFV1 were POM1(0,27), POM2(0,30), POM3(0,54), POM4(0,43), PGM1(0,13), PGM2(0,21), PGM3(0,21), PGM4(0,26), PCM1(0,41), PCM2(0,46), PCM3(0,38), PCM4(0,47), PAM1(0,38), PAM2(0,42), PAM3(0,54), PAM4(0,54), DM1(0,31), DM2(0,15), DM3(0,36), DM4(0,31), IDPO(0,16) and TXT(0,10). Heritabilities of the selected traits on

UFV2 were POM1(0,17), POM2(0,36), POM3(0,55), POM4(0,40), PGM1(0,18), PGM2(0,30), PGM3(0,37), PGM4(0,33), PCM1(0,21), PCM2(0,33), PCM3(0,46), PCM4(0,49), PAM1(0,25), PAM2(0,29), PAM3(0,55), PAM4(0,35), DM1(0,18), DM2(0,16), DM3(0,44), DM4(0,22), IDPO(0,10) and TXT(0,03). Principal components analysis pointed variables P7, P14, P77, P147, LOM4, COM2, PGM1, PGM2 and IDPO as main important for UFV1. From 31 recorded traits, 9 were responsible for 81.85% of total variation. For UFV2, P7, P35, P147, COM1, COM2, COM3, PCM3, PAM4 and TXT were pointed as main important, and 9, out of 30 recorded traits, were responsible for 79.91% of total variation. Differences were observed between both population in all aspects (phenotypic, genotypic and by principal component analysis), besides high genetic variation in each genetic group for the studied traits.

1-INTRODUÇÃO

A coturnicultura vem se destacando no cenário nacional como uma opção para diversificação das atividades no meio rural, deixando de ser uma atividade para complementar a renda, para se tornar a principal atividade de diversas propriedades. Dentre os motivos que levaram a esta mudança na atividade, temos: animais resistentes, alta produtividade, fácil manejo, custo reduzido com instalações, rápido ciclo de produção, rápido retorno do capital investido e mercado em expansão.

Aliado a isto, a codorna foi a primeira ave a promover a divulgação de um dos seus produtos, em nível nacional. Esta divulgação foi feita de forma inconsciente, porém gerou um resultado positivo, levando a um aumento no consumo dos ovos de codornas. Isto ocorreu em 1963, quando foi lançada uma marchinha carnavalesca, com o nome "Ovo de Codorna", de Severino Ramos de Oliveira, gerando um grande impulso no consumo de ovos, que continuou após a regravação da canção, pelo rei do Baião, Luiz Gonzaga, que exaltou e muito as qualidades afrodisíacas do produto.

Calcula-se que a produção de ovos de codorna, em 1992, tenha sido algo próximo a 34 milhões de dúzias, o que significou quase 3% da produção da avicultura industrial, no mesmo período. Atualmente, este número chega a 95 milhões de ovos produzidos, uma receita de 48 milhões e um plantel de 10 milhões de aves, com um crescimento de 82% do setor (ANUALPEC, 2008).

Com a introdução das codornas de corte, na década de 90, houve uma diversificação do mercado de codornas, tendo o consumidor a possibilidade de adquirir codornas especializadas para produção de carne, gerando carcaças de qualidade. Na literatura, temos diversos estudos sobre estimativas de curvas de crescimento das codornas de corte e parâmetros genéticos de características de crescimento. Porém, quando analisamos a produção de ovos dessas aves, não encontramos informações relevantes.

A codorna européia é especializada para produção de carne, mas há criadores que criam essas aves com o objetivo de produzir carne e ovos. No entanto, na literatura, existem poucos dados de desempenho produtivo para matrizes de corte, na fase de postura. A estimação dos parâmetros genéticos das características de postura são fundamentais para implantação do programa de melhoramento genético de codornas de corte, pois uma boa matriz de corte deve possuir uma boa postura e uma boa qualidade dos ovos produzidos.

O Brasil não dispõe de material genético próprio, o que deixa a coturnicultura dependente da importação de material genético. Entretanto, algumas instituições começaram a desenvolver programas de melhoramento genético de codornas de corte, visando solucionar este problema da dependência de material genético (Teixeira, 2008).

Estes programas de melhoramento animal necessitam de um constante acompanhamento das características de importância econômica de cada linhagem. A partir destes estudos é que os critérios de seleção são estabelecidos, para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial

genético superior e, assim, atingir os objetivos determinados pelo mercado e o consumidor final do produto.

Objetivou-se no presente trabalho avaliar o desempenho produtivo e reprodutivo de diferentes linhagens de codornas de corte, estimando os parâmetros genéticos das características mensuradas, e verificar a importância das características avaliadas no programa de melhoramento genético de aves, da Universidade Federal de Viçosa, através da metodologia de componentes principais.

2- MATERIAL E MÉTODOS

2.1- Seleção dos grupos genéticos

A seleção das aves de cada uma das populações foi baseada na característica peso da ave. As instalações do programa de melhoramento genético de aves estão localizadas na Fazenda Boa Vista, pertencente à Universidade Federal de Viçosa.

As codornas, na fase inicial de criação, foram criadas em box, com piso de concreto e cama de maravalha, com aquecimento de campânulas, com o máximo de 750 codornas para cada campânula. Elas receberam água e ração à vontade, até o 14º dia de idade, quando se realiza a pré-seleção para peso, com eliminação de refugos e aves defeituosas. As codornas remanescentes foram criadas em piso até o 28º dia de idade, ocasião em que as melhores 200

fêmeas, dentre as 1000, foram transferidas para gaiolas galvanizadas individuais, para controle da produção de ovos. Os melhores 100 machos (entre os 1000 machos) foram mantidos para reprodução. As codornas permaneceram em gaiolas de arame galvanizado com seis repartições nas medidas: 0,90 m de comprimento x 0,44m de largura x 0,23m de altura sendo na largura, 0,15 m de aparador de ovos, durante a avaliação das fêmeas para postura e reprodução. Nestas gaiolas, os comedouros (chapa galvanizada) foram posicionados na frente das gaiolas e os bebedouros (constituídos de metades de canos plásticos de 70 mm) posicionados entre as fileiras das gaiolas.

Foram avaliados dois grupos genéticos de matrizes de codorna de corte, provenientes do programa de melhoramento genético de aves da Universidade Federal de Viçosa, denominadas UFV1 e UFV2.

A produção de ovos foi avaliada por 4 períodos de 35 dias consecutivos, a partir do 42º dia de idade, iniciando-se a fase reprodutiva e o controle de pedigree, usando-se uma proporção de 1 macho para duas fêmeas, ou seja, 100 machos: 200 fêmeas.

2.2- Características avaliadas

As codornas receberam alimentação compatível com o sistema recomendado para todas as fases da vida produtiva, sendo, tanto ração quanto água fornecidas à vontade.

Foram avaliadas 2136 matrizes de codorna de corte, e constituídos dois arquivos. O primeiro foi composto das informações dos 1110 animais do grupo genético UFV2 e, o segundo, por 1026 codornas do grupo genético UFV1.

Os dados foram coletados no período de 2006 a 2009, período em que foram acompanhadas cinco gerações de codornas de corte.

Foram avaliadas ovos de cada ave, coletados por três dias consecutivos, durante os quatro períodos de 35 dias. Estes foram usadas para mensuração da largura e altura dos ovos e obtenção dos pesos de gema e casca.

As características utilizadas na análise foram: peso da ave (P0, P7, P14, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147), peso médio do ovo (POM1, POM2, POM3 e POM4), peso médio da casca (PCM1, PCM2, PCM3 e PCM4), peso médio da gema (PGM1, PGM2, PGM3 e PGM4), peso médio do albúmen (PAM1, PAM2, PAM3 e PAM4), gravidade específica média do ovo (DM1, DM2, DM3 e DM4), largura média do ovo (LOM1, LOM2, LOM3 e LOM4), comprimento médio do ovo (COM1, COM2, COM3 e COM4), número de ovos (N1, N2, N3 e N4) e idade ao primeiro ovo (IDPO).

A gravidade específica foi obtida por meio de densímetro de óleos minerais, com escala de 1,050/1,100. Para avaliar a gravidade específica dos ovos, foram retirados todos os ovos íntegros, produzidos a partir do dia 17 até o dia 19 de cada período, e avaliados em oito soluções de NaCl, variando de 1,055 a 1,090 g/ cm³. Para medir a densidade, utilizou-se densímetro para óleos minerais, Escala 1,050 a 1,100, da marca Incoterm Modelo 5565.

O peso médio dos ovos, em gramas, foi obtido pela coleta e pesagem em balança de precisão de 0,01g, durante três dias consecutivos, a partir do dia 14 até o dia 16 durante quatro períodos de 35 dias.

Após a pesagem, os ovos foram cortados com estilete e suas gemas foram separadas e pesadas. As cascas identificadas foram secas ao ar e pesadas.

O formato do ovo foi avaliado pela largura e altura dos ovos com auxílio de um paquímetro digital da marca *Mitutoyo modelo 500*.

As aves foram pesadas nos 0^o, 7^o, 14^o, 21^o, 28^o, 35^o, 42^o, 77^o, 112^o e 147^o dias de idade.

2.3- Modelos e análises

Foram realizadas análises estatísticas de variância e teste de médias (teste Fischer a 5% de probabilidade), utilizando o pacote computacional SAS.

E para estimar os componentes de variância foram realizadas análises unicaracterísticas, utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita. O modelo estatístico utilizado na análise das características considerou o efeito fixo de geração-eclosão e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Estes modelos podem ser representados na forma matricial; por:

$$y = X\beta + Za + e ,$$

em que: y representou o vetor de observações; X a matriz de incidência dos efeitos fixos; β o vetor de efeitos fixos; Z a matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; a o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; e e o vetor de resíduos aleatórios. As pressuposições assumidas para os efeitos aleatórios foram as seguintes:

$$\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & \phi \\ \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que: $G = A\sigma_a^2$ foi a matriz de (co)variâncias genéticas aditiva, A matriz de numeradores do coeficiente de parentesco; σ_a^2 variância genética aditiva; e $R = I\sigma_e^2$ matriz de variância residual, I matriz identidade e σ_e^2 variância residual.

Foram realizadas análises multivariadas, utilizando a metodologia de componentes principais, para definir as variáveis de maior importância nas populações estudadas.

Em razão do grande número de variáveis medidas em unidades diferentes, foi necessária a padronização dessas variáveis X_j ($j = 1, 2, \dots, p$); nesse caso, a estrutura de dependência de X_j foi dada pela matriz de correlação R .

Para o descarte de variáveis, adotou-se a recomendação de Jolliffe (1972, 1973) pela qual o número de variáveis descartadas deveria ser igual ao número de componentes cuja variância (autovalor) fosse menor que 0,7.

As análises multivariadas foram feitas usando o programa SAS, versão 8.0, licenciado pela Universidade Federal de Viçosa (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA, 1999).

Também foram realizadas análises bicaracterísticas, para estimação das covariâncias e correlações genéticas das características selecionadas pela técnica de componentes principais. As estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo programa MTDFREML (“Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood”), descrito por BOLDMAN et al. (1995), que utilizaram a metodologia da máxima verossimilhança restrita livre de derivadas (DFREML). O MTDFREML utiliza o algoritmo simplex para localizar o mínimo de $-2 \log_e L$ (L = função de verossimilhança), e os componentes de (co)variância que minimizam a função $-2 \log_e L$ são estimativas de máxima verossimilhança.

Como critério de convergência, utilizou-se a variância dos valores do simplex ($-2 \log_e$ de verossimilhança), menores do que 10^{-9} . Após cada convergência, o programa foi reiniciado, usando as estimativas obtidas anteriormente, como valores iniciais. Esse procedimento foi repetido até que as diferenças entre as estimativas das duas últimas convergências fossem menores que 10^{-4} .

3- RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1-Estatística descritiva

Para essa análise, as características avaliadas foram divididas em: características de qualidade e produção dos ovos, características de crescimento e características de forma de ovo.

3.1.1- Características de qualidade e produção de ovos

Média do peso do ovo (POM), da gema (PGM), da casca (PCM), do albúmen (PAM), da densidade específica (DM), idade ao primeiro ovo (IDPO) e do número de ovos (N) de matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados, são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1- Média do peso do ovo (POM), da gema (PGM), da casca (PCM), do albúmen (PAM), da densidade específica (DM), idade ao primeiro ovo (IDPO) e do número de ovos (N) de matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados (1,2,3,4).

Características	LINHAGEM	1 Período	2 Período	3 Período	4 Período
POM	UFV1	12,83 ^a	13,43 ^a	13,45 ^a	13,65 ^a
	UFV2	12,99 ^b	13,57 ^b	13,78 ^b	13,99 ^b
PGM	UFV1	3,79 ^a	4,12 ^a	4,16 ^a	4,20 ^a
	UFV2	3,82 ^b	4,14 ^b	4,23 ^b	4,28 ^b
PCM	UFV1	0,94 ^a	0,98 ^a	1,03 ^a	1,03 ^a
	UFV2	0,94 ^a	0,99 ^a	1,05 ^b	1,04 ^a
PAM	UFV1	7,19 ^a	8,30 ^a	8,26 ^a	8,44 ^a
	UFV2	7,33 ^b	8,46 ^b	8,53 ^b	8,69 ^b
DM	UFV1	0,69 ^a	0,69 ^a	0,69 ^a	0,70 ^a
	UFV2	0,7 ^b	0,70 ^a	0,71 ^b	0,71 ^a
N	UFV1	16 ^a	28 ^a	30 ^a	30 ^a
	UFV2	18 ^b	30 ^b	31 ^a	31 ^a
IDPO	UFV1	53 ^a			
	UFV2	53 ^a			

^{a,b.} - Médias, nas colunas, seguidas de letras distintas diferem pelo teste de FISCHER (P<0,05).

Houve diferença significativa entre o peso médio dos ovos e o peso da gema das duas linhagens, ao longo dos quatro períodos avaliados (P<0,05), sendo a linhagem UFV2 superior, em relação a estes parâmetros.

Diversos autores afirmam que o peso do ovo é um dos fatores determinantes do peso ao nascer (SILVERSIDES & SCOTT, 2001; TONA et al.,

2002). Sendo de extrema importância ovos pesados, que irão produzir aves com maior peso ao nascimento e, conseqüentemente, maior peso ao abate.

HALL e MCKAY (1993) observaram que o peso das gemas aumentou de acordo com a idade das aves. PEEBLES et al. (1991) notaram que o peso dos ovos aumenta com a idade da ave, enquanto o peso das claras diminui, no presente estudo o fator idade da matriz foi responsável pelo aumento do peso da gema e peso do ovo de ambas as linhagens ao longo dos períodos avaliados.

Houve diferença significativa entre o peso do albúmen entre as duas linhagens ao longo dos quatro períodos avaliados ($P < 0,05$), onde maior peso foi verificado em ovos da linhagem UFV2, sendo estes maiores em todos os períodos avaliados. Porém, ambas as linhagens obtiveram resultados semelhantes em relação à qualidade da casca, exceto no terceiro período.

Segundo Narahari et al. (1988) e Peebles e Marks (1991), a qualidade interna e externa dos ovos influencia a eclodibilidade e o desenvolvimento do pintinho de codorna. A avaliação da qualidade do ovo é feita principalmente pelas características do albúmen (SILVERSIDES & SCOTT, 2001), mas também pela proporção dos componentes do ovo (AH et al. 1997).

Akbar et al. (1983) relataram que as linhagens atuais selecionadas para produção de ovos apresentam maior espessura de casca e maior resistência à quebra, como resultado da seleção para essas características.

Foi demonstrado que a porosidade e a espessura da casca são os fatores de maior influência sobre o desenvolvimento embrionário (NARUSHIN &

ROMANOV, 2002), e que há associação entre a qualidade da casca e a incubabilidade (PEEBLES & McDANIEL, 2004).

Houve diferença significativa entre a densidade específica das duas linhagens ao longo do primeiro e terceiro períodos avaliados ($P < 0,05$), sendo que a linhagem UFV2 apresentou maior densidade específica.

Não houve diferença significativa entre a idade ao primeiro ovo das duas linhagens avaliadas ($P < 0,05$). A idade ao primeiro ovo é um dos principais indicativos utilizados para avaliação da precocidade sexual em aves. A codorna é caracterizada pela sua precocidade sexual, sendo que esta característica sofre grande efeito ambiental, como por exemplo: programa de luz, época de eclosão, peso corporal, etc.

Costa et al. (2008), ao estudar dois grupos genéticos de codorna de corte, obtiveram idade ao primeiro ovo de 39 dias para ambos os grupos genéticos, sendo que o grupo genético A alcançou 50% de postura aos 53 dias e o grupo B, aos 54 dias de idade.

Houve diferença significativa entre o número de ovos das duas linhagens ao longo do primeiro e segundo períodos avaliados ($P < 0,05$), a linhagem UFV2 apresentou maior número de ovos em ambos os períodos citados.

Marks (1979), Anthony et al. (1990), Piccinin (2002) e Minvielle et al. (2002) encontraram diferenças significativas para produção de ovos entre linhagens. Isto se deve à variabilidade genética observada entre as linhagens para produção de ovos.

3.1.2- Características de crescimento

As Médias dos pesos aos 0^o, 7^o, 14^o, 21^o, 28^o, 35^o, 42^o, 77^o, 112^o e 147^o dias de idade das matrizes de codorna de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados, são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2 - Médias dos pesos nos 1^o, 7^o, 14^o, 21^o, 28^o, 35^o, 42^o, 77^o, 112^o e 147^o dias de idade das matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados (1,2,3,4).

	P0	P7	P14	P21	P28	P35	P42	P77	P112	P147
UFV1	9,96 ^b	33,12 ^b	86,68 ^b	152,64 ^b	214,07 ^b	254,07 ^b	284,29 ^b	334,79 ^b	335,2 ^b	359,36 ^b
UFV2	10,09 ^a	33,76 ^a	89,12 ^a	155,95 ^a	220,1 ^a	264,32 ^a	297,59 ^a	340,09 ^a	363,63 ^a	365,91 ^a

^{a,b} - Médias, nas colunas, seguidas de letras distintas diferem pelo teste de FISCHER (P<0,05).

Houve diferença significativa entre as duas linhagens de matrizes de corte avaliadas até os 147 dias de idade (P<0,05), sendo a linhagem UFV2 superior, em relação a estes parâmetros de crescimento, para todas as pesagens estudadas.

Segundo Marks (1991), as linhagens selecionadas para maior ganho de peso apresentam maior peso dos ovos que linhagens não selecionadas para essa característica, uma vez que o peso dos ovos apresenta alta correlação com peso corporal da ave. Por isso, a linhagem UFV2 apresentou maior peso dos ovos que à linhagem UFV1 ao longo dos quatro períodos estudados.

Reis et al. (2007), ao comparem duas categorias de peso de codornas japonesas, observaram que não houve diferença significativa (P>0,05) no peso

das aves, ao atingir 50% de postura, sendo esta atingida em diferentes idades: aos 59 dias para a categoria leve e aos 46 dias para a categoria pesada. Isto não foi observado quando estudamos as codornas européias, que demonstraram um ganho de peso ao longo do ciclo de postura.

3.1.3- Características de forma de ovo

As Médias da largura e do comprimento dos ovos das matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados, são apresentadas na Tabela 3.

Tabelas 3 – Média da largura (LOM) e comprimento (COM) dos ovos de matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados (1,2,3,4).

LINHAGENS	LOM1	LOM2	LOM3	LOM4	COM1	COM2	COM3	COM4
UFV1	26,53 ^a	27,41 ^a	26,75 ^b	26,84 ^b	33,51 ^a	33,69 ^a	34,50 ^b	34,72 ^b
UFV2	26,61 ^a	27,52 ^a	26,98 ^a	27,07 ^a	33,60 ^a	33,83 ^a	34,83 ^a	34,97 ^a

^{a,b}- Médias, nas colunas, seguidas de letras distintas diferem pelo teste de FISCHER (P>0,05).

Houve diferença significativa entre o comprimento e a largura do ovo das duas linhagens, ao longo do terceiro e quarto períodos avaliados (P<0,05), sendo a linhagem UFV2 superior, em relação a estes parâmetros.

Segundo Ribeiro et al. (2007), o formato do ovo altera a resistência física da casca, e o índice utilizado para avaliar o formato do ovo é a relação largura x altura.

O índice de forma leva em conta o comprimento e a largura do ovo, e um padrão de tamanho do ovo, destinado à produção comercial, é fundamental.

SCHMIDT et al. (2002) comunicaram que a forma do ovo, aliada à porosidade da casca, alteram a perda de água durante a incubação e modificam os requerimentos de temperatura e umidade, sendo que SCHMIDT et al. (2003) afirmaram que a forma do ovo e a má formação da casca influenciam a eficiência de incubação.

3.2-Estimações dos componentes de variância dos grupos genéticos UFV1 e UFV2 utilizando análises univariadas.

Conforme descrito, utilizaremos análises unicaracterísticas para estimar os componentes de variância, utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita.

3.2.1- Características de qualidade e produção de ovos.

As estimativas das herdabilidades das análises unicaracterísticas do peso médio do ovo e peso médio da gema das matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados, são apresentadas na Tabela 4.

Tabelas 4 - Estimativas das herdabilidades (h^2) da Média do peso do ovo (POM), da gema (PGM), da casca (PCM), do albúmen (PAM), da densidade específica (DM), idade ao primeiro ovo (IDPO) e da Taxa de Postura (TXT) de matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados (1,2,3,4).

Características	LINHAGEM	Herdabilidades			
		1 Período	2 Período	3 Período	4 Período
POM	UFV1	0,27	0,30	0,54	0,43
	UFV2	0,17	0,36	0,55	0,40
PGM	UFV1	0,13	0,21	0,21	0,26
	UFV2	0,18	0,30	0,37	0,33
PCM	UFV1	0,41	0,46	0,38	0,47
	UFV2	0,21	0,33	0,46	0,49
PAM	UFV1	0,38	0,42	0,54	0,54
	UFV2	0,25	0,29	0,55	0,35
DM	UFV1	0,31	0,15	0,36	0,31
	UFV2	0,18	0,16	0,44	0,22
TXT	UFV1	0,1			
	UFV2	0,03			
IDPO	UFV1	0,16			
	UFV2	0,1			

Silva et al. (2008), ao avaliarem 3 linhagens de codornas de postura, observaram valores baixos de coeficientes de herdabilidade para peso do ovo, aos 70 dias, tendo, contudo, seu valor aumentado aproximadamente para o dobro quando avaliado aos 100 dias de idade.

Os resultados obtidos no presente estudo com duas linhagens de codorna de corte são diferentes daqueles observados pelos referidos autores. Sabe-se que as codornas japonesas estão submetidas há décadas a seleção, buscando melhorar a qualidade e a produção de ovos. O que resultou numa diminuição da

variabilidade genética para estas características, gerando ganhos genéticos cada vez menores como, por exemplo, para peso de ovo, aos 90 dias, das codornas japonesas (SILVA, 2008).

As estimativas de herdabilidade das características de qualidade dos ovos, apresentaram valores elevados para ambos os grupos genéticos estudados. Segundo Teixeira et al. (2008), isto se deve ao fato de esses animais terem sua seleção focada apenas na característica peso corporal, e com isso apresentam ainda alta variabilidade genética, em relação a aspectos da qualidade dos ovos.

Há, portanto, a possibilidade de uniformizar estes ovos, por meio da seleção de matrizes que atendam ao padrão de ovo estabelecido. Essa uniformização seria importante no aspecto econômico, pois a legislação brasileira exige mínimo de peso por dúzia. No caso de ovos grandes, haveria maior pressão nas bandejas inferiores, durante a coleta, e com isso aumentaria o índice de quebra. Esta uniformidade pode ser um padrão exigido pelo consumidor futuramente.

Os altos valores de herdabilidade encontrados do peso da casca mostram outro aspecto importante que recebe atenção por parte dos produtores e pesquisadores, que seria em relação à eclodibilidade dos ovos. A grande variabilidade existente para estas características pode ser a responsável pela variação no tempo de incubação e no nascimento das codorninhas, que varia de 17 a 21 dias.

A extensão do período de eclodibilidade, com vista a otimizar a qualidade de codornas no nascimento ou alojamento, ganhou maior atenção com a determinação dos efeitos negativos nos parâmetros de performance pós-nascimento, decorrente do atraso no fornecimento de dieta ou água.

Os coeficientes de herdabilidade encontrados para peso de casca, de ambas as linhagens, demonstram a possibilidade de se poder melhorar a qualidade de casca, por meio da seleção e, conseqüentemente, diminuir a perda durante o transporte dos ovos e promover maior homogeneidade ao nascimento e na eclodibilidade.

A baixa herdabilidade obtida da idade ao primeiro ovo se deve à grande influência do meio ambiente nesta característica. Dentre os fatores de ambientes relacionados a estas características: época de nascimento, nutrição, programa de luz, peso corporal, etc. Outro fator, que influencia a idade ao primeiro ovo, é o fato destas matrizes serem alojadas em gaiolas, aos 28 dias de idade, tornando-as mais homogêneas e reduzindo a variabilidade para esta característica.

Também foi encontrada baixa estimativa de herdabilidade da taxa de postura total (TXT), o que indica a pouca possibilidade de alterar a produção por meio de seleção. SILVA et. al. (2007), ao estudarem codornas de postura, encontraram valores de herdabilidade para produção de ovos até aos 90 dias praticamente nulos.

Teixeira et al. (2008), ao estudarem o grupo genético UFV1, apresentaram estimativas de herdabilidade para TXT de 0,07, o que resultaria

em pequena resposta à seleção para número de ovos ou taxa de postura para este grupo genético.

Observou-se herdabilidade média a alta, para a característica densidade. Deve-se lembrar da alta variabilidade, em relação ao peso do ovo, o que tem grande influência sobre a densidade. À medida que obtivermos uma maior homogeneidade dos ovos, diminuiremos a variabilidade da densidade, conseqüentemente.

3.2.2- Características de crescimento

As estimativas das herdabilidades do P0, P7, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147 das análises unicaracterísticas das matrizes de codorna de corte das linhagens UFV1 e UFV2, são apresentadas na Tabela 5.

Tabela 5 - Estimativas das herdabilidades (h^2) do peso corporal das aves aos P0, P7, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147 dias de idade das análises unicaracterísticas das matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2.

h^2	P1	P7	P14	P21	P28	P35	P42	P77	P112	P147
UFV1	0,64	0,30	0,35	0,42	0,40	0,35	0,32	0,32	0,22	0,32
UFV2	0,68	0,30	0,28	0,26	0,43	0,44	0,24	0,26	0,26	0,42

Podemos observar elevados valores de herdabilidade para peso ao nascimento, o que indica uma alta resposta a seleção massal. Também

devemos lembrar que as codornas possuem tempo de eclosão entre 17 e 21 dias, aumentando com isso a variabilidade genética. Tendo em uma mesma população indivíduos com eclosão precoce e tardia.

Hidalgo et al. (2008), ao estudar codornas de postura, citam que quando as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para os pesos dos ovos foram menores do que os pesos corporais, significa que elas decresceram à medida que a idade avançou. Estes resultados mostram que as diferenças genéticas para peso do ovo tendem a se reduzirem ao longo do período de produção.

Este resultado não foi observado neste estudo, utilizando matrizes de codornas européias selecionadas para corte. As matrizes de codorna de corte mantiveram um crescimento corporal até os 147 dias de idade, justificando os valores de herdabilidade encontrados.

Winter (2005) verificou, em codornas de corte, herdabilidades para peso aos 7, 14, 28 e 42 dias, de 0,25; 0,43; 0,53; 0,62; respectivamente. Esses resultados indicam a possibilidade de obtenção de resposta à seleção na população estudada.

Ton et al. (2006), ao utilizarem codornas de corte, estimaram herdabilidades de 0,05; 0,06; 0,09; 0,07; 0,08 e 0,07 para pesos ao nascimento, aos 7, 14, 28 e 35 dias, respectivamente. Concluíram que esses resultados indicam dificuldade na obtenção de progresso genético no peso corporal.

Aggrey & Cheng (1994), ao avaliarem em codornas japonesas o peso corporal no nascimento, aos 7, 14, 21 e 28 dias de idade, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita, livre de derivadas, encontraram estimativas de

herdabilidade de 0,38; 0,12; 0,31; 0,12 e 0,44, respectivamente. Os autores sugerem que a seleção para os pesos ao nascimento, aos 14 e 28 dias de idade, pode ter resultados satisfatórios.

Paiva et al. (2007) obtiveram estimativas de herdabilidade para os pesos, ao nascimento, com 7, 14, 21, 28 e 35 dias de idade, respectivamente de 0,25; 0,03; 0,13; 0,15; 0,18; 0,24, indicando que a seleção deve ser feita com base na predição do valor genético, por meio do modelo animal, usando toda informação disponível.

Neste estudo, verificou-se que as estimativas de herdabilidade para os pesos variaram de médias a altas e indicaram que a seleção dentro da população estudada poderia resultar em aumentos dos pesos por meio da seleção baseada na informação individual. Segundo Wenceslau et al. (2007), estimativas de herdabilidades de média a alta, para pesos corporais, indicam uma razoável resposta à seleção individual.

Observa-se também que, apesar do alojamento das aves em gaiolas criar ambiente mais homogêneo, tem-se grande variabilidade, nos pesos obtidos do períodos. Isso mostra que, ao longo do ciclo de postura das aves, elas ainda não estabilizaram o seu crescimento, e geram, com isso, variabilidade genética para ganho de peso, ao longo do ciclo de postura.

3.2.3- Características de forma de ovo

As estimativas das herdabilidades da largura e do comprimento médio do ovo das análises unicaracterísticas das matrizes de codorna de corte das linhagens UFV1 e UFV2, são apresentadas na Tabela 6.

Tabela 6 - Estimativas das herdabilidades (h^2) da largura (LOM) e do comprimento (COM) médio do ovo das análises unicaracterísticas das matrizes de corte das linhagens UFV1 e UFV2, nos diferentes períodos avaliados.

h^2	LOM1	LOM2	LOM3	LOM4	COM1	COM2	COM3	COM4
UFV1	0.17	0.24	0.47	0.27	0.10	0.38	0.38	0.57
UFV2	0.25	0.25	0.50	0.49	0.15	0.29	0.34	0.32

As características físicas do ovo podem interagir ou influenciar as condições requeridas na incubação. O tamanho e a forma do ovo, aliados à porosidade da casca, afetam a perda de água durante a incubação, influenciam os requerimentos de temperatura e umidade, principalmente durante a última semana de incubação (SCHMIDT *et al.*, 2002).

Foram observados valores médios de herdabilidade da largura e comprimento de ovos, sugerindo a possibilidade de linhagens que atendam a um padrão de índice de forma, o qual é calculado em função da largura e do comprimento do ovo.

3.3-Avaliação de características quantitativas de matrizes de codorna de corte por meio de componentes principais

3.3.1- Grupo Genético UFV1

As características utilizadas na análise foram: peso da ave (P0, P7, P14, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147), peso médio do ovo (POM1, POM2, POM3 e POM4), peso médio da casca (PCM1, PCM2, PCM3 e PCM4), peso médio da gema (PGM1, PGM2, PGM3 e PGM4), Peso médio do Albúmen (PAM1, PAM2, PAM3 E PAM4), densidade específica média do ovo (DM1, DM2, DM3 e DM4), largura média do ovo (LOM1, LOM2, LOM3 e LOM4), comprimento médio do ovo (COM1, COM2, COM3 e COM4), taxa de postura (TXT) e idade ao primeiro ovo (IDPO).

Após a análise de multicolinearidade, foram identificadas e eliminadas as variáveis PAM4, POM3, PAM1, POM2, POM1, LOM2, P21, P28 e LOM3 que provocavam severa multicolinearidade entre as características analisadas.

Os resultados obtidos para os componentes principais, os autovalores e as percentagens da variância total explicada por cada componente, são apresentados na Tabela 7.

Tabela 7 – Componentes principais (CP), autovalores (λ^2) e percentagem da variância explicada pelos componentes (%VCP), das características de produção em matrizes de codorna de corte do Grupo Genético-UFV1 .

CP	λ_i	% VCP	CP	λ_i	% VCP
CP1	9,51	30,69	CP17	0,26	0,86
CP2	4,06	13,12	CP18	0,24	0,80
CP3	3,15	10,18	CP19	0,22	0,74
CP4	2,14	6,91	CP20	0,22	0,71
CP5	1,93	6,25	CP21	0,20	0,66
CP6	1,45	4,69	CP22	0,19	0,62
CP7	1,20	3,90	CP23	0,18	0,60
CP8	1,00	3,23	CP24	0,16	0,53
CP9	0,89	2,88	CP25	0,14	0,47
CP10	0,66	2,14	CP26	0,14	0,47
CP11	0,58	1,90	CP27	0,13	0,43
CP12	0,44	1,42	CP28	0,12	0,40
CP13	0,40	1,31	CP29	0,10	0,34
CP14	0,36	1,16	CP30	0,10	0,32
CP15	0,31	1,01	CP31	0,09	0,30
CP16	0,29	0,95			

Dos 31 componentes principais, 22 (70,96%) apresentaram autovalor menor do que 0,7 e foram descartados seguindo critério proposto por JOLLIFFE (1972 e 1973).

As 22 variáveis que apresentaram maiores coeficientes, em valor absoluto, a partir do último componente principal, são passíveis de descarte.

As variáveis sugeridas para descarte, em ordem de menor importância para explicar a variância total, são: COM4, TXT, POM4, PGM4, P42, PGM3, P112, PCM3, PAM2, PCM4, COM1, P35, LOM1, DM4, DM3, PCM2, DM1, DM2, PCM1, P0, PAM3 e COM3.

A análise de componentes principais indica, como importantes, as variáveis P7, P14, P77, P147, LOM4, COM2, PGM1, PGM2 e IDPO.

De um total de 31 características mensuradas, 9 foram responsáveis por 81,85% da variância total.

3.3.2-Grupo Genético UFV2

As características utilizadas na análise foram: peso da ave (P0, P7, P14, P21, P28, P35, P42, P77, P112 e P147), peso médio do ovo (POM1, POM2, POM3 e POM4), peso médio da casca (PCM1, PCM2, PCM3 e PCM4), peso médio da gema (PGM1, PGM2, PGM3 e PGM4), peso médio do albúmen (PAM1, PAM2, PAM3 e PAM4), densidade específica média do ovo (DM1, DM2, DM3 e DM4), largura média do ovo (LOM1, LOM2, LOM3 e LOM4), comprimento médio do ovo (COM1, COM2, COM3 e COM4), taxa de postura (TXT) e idade ao primeiro ovo (IDPO).

Após a análise de multicolinearidade, foram identificadas e eliminadas as variáveis POM4, POM2, POM3, PAM3, POM1, LOM4, P21, P28, LOM2 e P42 que provocavam severa multicolinearidade entre as características analisadas.

Os resultados obtidos para os componentes principais, os autovalores e percentagens da variância total explicada por cada componente são apresentados na Tabela 8.

Tabela 8 - Componentes principais (CP), autovalores (λ^2) e percentagem da variância explicada pelos componentes (%VCP), das características de produção em matrizes de codorna de corte do Grupo Genético UFV2 .

CP	λ^2	% VCP	CP	λ^2	% VCP
CP1	9.10	30,35	CP16	0,33	1,13
CP2	3.52	11,77	CP17	0,30	1,01
CP3	2,78	9,27	CP18	0,27	0,92
CP4	2,46	8,21	CP19	0,26	0,89
CP5	1,85	6,17	CP20	0,24	0,81
CP6	1,55	5,18	CP21	0,21	0,72
CP7	0,97	3,24	CP22	0,19	0,66
CP8	0,93	3,12	CP23	0,18	0,63
CP9	0,78	2,60	CP24	0,16	0,56
CP10	0,67	2,26	CP25	0,15	0,51
CP11	0,63	2,12	CP26	0,14	0,50
CP12	0,50	1,68	CP27	0,12	0,43
CP13	0,45	1,53	CP28	0,12	0,41
CP14	0,43	1,45	CP29	0,10	0,34
CP15	0,36	1,21	CP30	0,09	0,31

Dos 30 componentes principais, 21 (70%) apresentaram autovalor menor do que 0,7 e foram descartados seguindo critério proposto por JOLLIFFE (1972,1973).

As 21 variáveis que apresentaram maiores coeficientes, em valor absoluto, a partir do último componente principal, são passíveis de descarte.

As variáveis sugeridas para descarte, em ordem de menor importância, para explicar a variância total, são: COM4, LOM3, PGM1, PGM3, PAM1, PCM4, P112, PCM2, IDPO, LOM1, DM3, DM4, PAM2, DM2, P77, PCM1, PGM2, DM1, PGM4, P0 e P14.

A análise de componentes principais indica como importantes as variáveis P7, P35, P147, COM1, COM2, COM3, PCM3, PAM4 e TXT.

De um total de 30 características mensuradas, 9 foram responsáveis por 79,91% da variância total.

3.4-Estimações dos componentes de variância dos grupos genéticos de codorna de corte UFV1 e UFV2 utilizando análises multivariadas das características selecionadas pela técnica de componentes principais.

3.4.1 - Grupo Genético UFV1

Foram realizadas análises bicaracterísticas, para obtenção de estimativas de correlações genéticas das características selecionadas pela técnica de componentes principais. A análise de componentes principais indicou como importantes as variáveis P7, P14, P77, P147, LOM4, COM2, PGM1, PGM2 e IDPO. Na tabela 9, seguem os valores das correlações genéticas das características do grupo genético UFV 1.

Tabela 9 – Correlações genéticas das características selecionadas do grupo genético UFV1.

	P7	P14	P77	P147	LOM4	COM2	PGM1	PGM2	IDPO
P7		0.42	*	0.4	0.65	0.74	0.23	0.18	-0.08
P14			0.33	0.57	0.09	-0.07	-0.05	-0.07	-0.53
P77				0.76	0.32	0.56	*	*	-0.61
P147					0.6	0.79	*	*	-0.25
LOM4						0.29	0.54	0.67	*
COM2							0.59	0.22	0.06
PGM1								0.53	0.32
PGM2									0.37
IDPO									

*não convergiu segundo critérios utilizados na análise bicaracterística.

O grupo genético UFV1 apresentou resultados semelhantes, em relação às características da qualidade dos ovos obtidos pelo grupo genético UFV2. Isto se deve ao fato de os dois grupos genéticos terem sido submetidos às mesmas práticas de manejo e método de seleção (pertencem ao mesmo programa de melhoramento genético).

Observou-se correlação genética negativa entre os pesos corporais e a característica IDPO, ou seja, o aumento do peso das aves resulta em precocidade à IDPO. Sabe-se que o peso das aves é utilizado, até o presente, como único critério de seleção no programa de melhoramento de aves da UFV.

Observam-se correlações genéticas positivas ou correlações genéticas negativas de baixa magnitude, entre as características de qualidade de ovo e pesos corporais, indicando que a seleção para aumento do peso corporal das aves não resultaria em perdas significativas na qualidade dos ovos. No entanto, o trabalho para melhoramento da qualidade dos ovos desta linhagem deve ser feito de maneira criteriosa, para se evitarem perdas nas características de corte.

3.4.2-Grupo Genético UFV2

Foram realizadas análises bicaracterísticas para obtenção das estimativas correlações genéticas das características selecionadas pela técnica de componentes principais. A análise de componentes principais indicou como importantes as variáveis P7, P35, P147, COM1, COM2, COM3, PCM3, PAM4 e

TXT. Na tabela 10, segue os valores das correlações genéticas das características do grupo genético UFV 2.

Tabela 10 – Correlações genéticas das características selecionadas de codornas do grupo genético UFV2.

	P7	P35	P147	COM1	COM2	COM3	PCM3	PAM4	TXT
P7		0.43	0.34	0.68	0.46	0.13	0.05	0.14	0.28
P35			0.9	*	0.38	0.25	0.09	0.5	0.26
P147				*	*	*	*	*	-0.53
COM1					*	*	0.74	0.64	-0.17
COM2						0.81	0.53	0.30	-0.27
COM3							0.59	0.22	-0.81
PCM3								0.34	-0.22
PAM4									-0.51
TXT									

*não convergiu segundo critérios utilizados.

As características da qualidade dos ovos apresentaram valores de correlações genéticas positivas e altas entre si, e mostraram que a seleção de apenas uma característica resultaria em ganhos correlacionados nas demais características. Este resultado sugere que algumas mensurações, que são trabalhosas e dependentes do avaliador, não precisariam ser medidas.

Essas características de qualidade dos ovos correlacionam-se genética e negativamente com a taxa de postura total. Assim, o que poderia ser obtido pela seleção dessas características, provocaria uma redução na produção de ovos (TEIXEIRA, 2008).

A característica P35 correlaciona-se genética e positivamente com a característica P147, o que sugere que a seleção feita aos 35 dias identificaria as matrizes de maior peso ao longo do ciclo de produção.

Segundo Bonafé et al. (2008), a menor correlação entre os valores das primeiras pesagens observados, possivelmente atribuídos à maior vulnerabilidade dos animais e ao ganho de peso diário mais intenso nos primeiros dias de vida.

Wenceslau et al. (2007) obtiveram valores de correlação genética positiva, de média a alta magnitude, entre peso vivo em diferentes idades de codornas de corte e valores de alta magnitude de herdabilidade dessas características, que indicam que estes animais podem ser selecionados em idades menores do que 42 dias.

Também foi observada correlação genética positiva entre P35 e TXT, o que sugere que o peso da matriz, aos 35 dias, é fator determinante para atingir a maturidade sexual, e iniciar precocemente a produção de ovos, aumentando, conseqüentemente, a taxa de postura, sendo avaliada a maturidade sexual pela idade da postura do primeiro ovo ou quando a ave atinge 5 % de postura.

MINVILELLE (1998) obteve estimativas de correlação genética do número de ovos e o peso corporal, que variaram de 0 a -0,21, o que indica margem razoável de ganhos genéticos no número de ovos, sem grandes alterações no peso corporal, diferente do que foi observado no presente trabalho.

É importante avaliar o peso da matriz ao longo do ciclo de produção, pois ao analisarmos a correlação genética obtida entre P147 e TXT, esta se apresenta média e negativa, gerando perdas de produção ao longo do ciclo produtivo. Entretanto, as correlações entre P7 e TXT, e P35 e TXT, se

apresentaram positivas e favoráveis. Ou seja, a seleção para peso aos 35 dias não gerou grandes perdas na taxa de postura total.

Correlações genéticas positivas entre as características de qualidade de ovo e pesos corporais, indicam que a seleção para aumento do peso corporal das aves não provocaria perdas na qualidade dos ovos.

4-Conclusão

Existem diferenças entre os dois grupos genéticos analisados, seja pela avaliação fenotípica e genotípica, ou por meio dos componentes principais. Além de alta variabilidade genética dentro de cada grupo genético para as características estudadas.

5- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

AHN, D. U.; KIM, S. K.; SHU, H. Effect of egg size and strain and age of hen on the solids content of chicken eggs. **Poultry Science**, Champaign, v.76, n.6, p.914–919,1997.

AKBAR, M.K.; GAVORA, J.S.; FRIARS, G.W. et al. Composition of eggs by commercial sizes categories: Effects of genetic group, age, and diet. **Poultry Science**, v.62, n.6, p.925-933, 1983.

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. 120p.

Bonafé, C. M. Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 58p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 2008.

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.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. I. Artificial data. **Aplied Statistics**,v.21, p.160-173, 1972.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data. **Aplied Statistics**, v.22, p.21-31, 1973.

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

MINVIELLE, F. Genetics and breeding of japanese quail for production around the world. In: ASIAN PACIFIC POULTRY CONGRESS, 6th. Nagoia. **Proceeding** .Nagoia: Japan Poultry Science Association. p.122-127,1998.

MINVIELLE, F.; MILLS, A.D.; FAURE, J.M. *et al.* Fearfulness and performance related traits in selected lines of Japanese quail (*Coturnix japonica*). **Poultry Science**, v.81, n.3, p.321- 326, 2002.

NARAHARI, D.; ABDUL-MUJEV, K.; THANGAVEL, A.; RAMAMURTY, N.; VISUNATHAN, S.; MOHAN, B.; MURGANANDA, B.; SUNRARAROSU, V. Traits Egg physical characteristics and hatchability. **World's Poultry Science Journal**, v.58, n.3, p.297-303, 2002.

PAIVA, E., GEORG, P. C., CONTI, A. C. M., et al., Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso aos 28 dias, idade ao primeiro ovo e peso do ovo em três linhagens de codornas de postura. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiania: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. CD- ROM, Melhoramento Genético Animal.

PEEBLES, E. D.; MARKS, H. L. Effects of selection for growth and selection diet on egg shell quality and embryonic development in Japanese quail. **Poultry Science**, Champaign, v.70, n.7, p.1471-1480, 1991.

PEEBLES, E.D.; MCDANIEL, C.D. A practical manual for understanding the shell structure of broiler hatching eggs and measurements of their quality. **Office of Agricultural Communications, a unit of the Division of Agriculture, Forestry, and Veterinary Medicine at Mississippi State University**, Bulletin 1139, apr., 2004. Capturado em 25 mar. 2005. Online. Disponível na Internet: <http://www.msstate.edu/dept/poultry/b1139.pdf>.

PICCININ, A. Efeito da interação genótipo-ambiente nas características dos ovos de codornas (*Coturnix coturnix japonica*) e sua curva de produção. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2002. 53p. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista, 2002.

SAS. Software: versão 8.0. Cary, NC: SAS Institute Inc., 1999.

SCHMIDT, G.S. et al. Fatores que afetam a qualidade do pinto de corte. **Artigos Embrapa suínos e aves**, 2002. Capturado em 25 mar. 2005. Online. Disponível na Internet: <http://www.cnpsa.embrapa.br/?/artigos/2002/artigo-2002-n018.html;ano=2002>

SILVA, R.M.. et.al Parâmetros genéticos para peso do ovo e produção de ovos em três linhagens de codorna de postura. In: III SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, II CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA 2007, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2007. p. 213.

Teixeira, R. B. **Avaliação e estimação de componentes genéticos de características produtivas e da qualidade de ovos de linhagens de codorna de corte**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 58p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 2008.

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.

WINTER, E.M.W. Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, carcaça e composição corporal de codornas para corte (*Coturnix* sp.). 2005. 91f. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

TEIXEIRA, Rafael Bastos Teixeira, D.S. Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2009. Avaliação fenotípica, genotípica e de componentes principais de duas linhagens de matrizes de codorna de corte. Orientador: Robledo de Almeida Torres. Co-Orientadores: Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Ricardo Frederico Euclides.

Foram avaliados dados de 2136 matrizes de codorna de corte, organizados em dois arquivos. O primeiro composto das informações dos 1026 animais do grupo genético UFV1 e, o segundo, por 1110 codornas do grupo genético UFV2. As aves foram pesadas nos 1^o, 7^o, 14^o, 21^o, 28^o, 35^o, 42^o, 77^o, 112^o e 147^o dias de idade, e seus pesos foram utilizados para a análise. Foram testadas duas possíveis modelagens de variância residual heterogênea, sendo agrupadas em 3 classes de idade: CL3: 1-7-14, 21-28-35 dias e 42-77-112-147 dias e 5 classes de idade: CL5: 1-7, 14-21, 28-35, 42-77 e 112-147 dias de idade. Após a escolha da variância residual a ser utilizada na análise, foi realizado o estudo do modelo de regressão aleatória que se melhor aplica-se a curva de crescimento das matrizes. 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. O modelo que considerou a heterogeneidade de variância residual com 3 classes mostrou-se adequado à linhagem UFV1 e o modelo com 5 classes mostrou-se adequado à linhagem UFV2. A utilização de uma função polinomial de Legendre, com as ordens 5, para efeito genético aditivo direto e 5, para efeito permanente de animal, para a linhagem UFV1, e de ordens 3, para efeito genético aditivo direto e 5, para efeito permanente de animal para a linhagem UFV2, devem ser

utilizados na avaliação genética da curva de crescimento de matrizes de codornas de corte em estudo.

TEIXEIRA, Rafael Bastos Teixeira, D.S. Universidade Federal de Viçosa, December 2009. Growth evaluation of meat-type quail hens using random regression models. Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-Advisers: Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Ricardo Frederico Euclides.

Records from 2.136 meat-type quail hens, from two groups, were evaluated. One group (UFV1), with records from 1.026 animals, and the second (UFV2), with records of 1.110 birds. The animals were weighted weekly from the first day until 42 days old, at 77, 112 and 147 days old. Two possible models of heterogenic residual were tested being grouped in three age classes: CL3: 1-7-14, 21-28-35 days and 42-77-112-147 days and five age classes: CL5: 1-7, 14-21, 28-35, 42-77 e 112-147 days of age. After choosing the residual variance to be used on the analysis, an evaluation was carried out to find out the best random regression model to fit the growth curve of the hens. The comparison among the models were done by Akaike's information Criteria (AIC), Schwartz's Bayesian information Criteria (BIC), logarithm likelihood function ($\text{Log}_e L$) and Likelihood ratio test, 1%. The model considering heterogeneity residual variance showed to be reliable for UFV1 group and model with 5 classes for UFV2. The use of Legendre's polynomial, with 5 orders, for direct genetic additive effect and 5, for permanent animal effect for UFV1 and orders 3, for for direct genetic additive effect and 5, for permanent animal effect for UFV2, should be used for the evaluation of growth curve for the studied meat-type quail hens.

1 - INTRODUÇÃO

A avaliação da curva de crescimento das matrizes de codorna de corte, ao longo do ciclo da produção de ovos, é de grande importância, visto que o peso corporal das aves influencia diversas características de produção e reprodução das aves.

Os ciclos envolvidos na produção de linhagens, especialmente o referente à seleção das linhas puras, devem ser embasados nas variações genéticas das características. Para a seleção das linhagens, pode-se optar pelo uso de modelos de regressão aleatória (Meyer, 2000 e Akbas et al., 2004), sendo uma alternativa para modelar as características de crescimento, que são medidas repetidas ao longo da vida.

Segundo Bonafé (2008), 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.

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 (Sarmiento, 2007).

Objetivou-se neste estudo 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 matrizes de codorna de corte.

2- MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados dados de 2136 matrizes de codorna de corte, organizados em dois arquivos. O primeiro foi composto das informações dos 1026 animais do grupo genético UFV1 e, o segundo, por 1110 codornas do grupo genético UFV2.

As aves foram pesadas nos 1^o, 7^o, 14^o, 21^o, 28^o, 35^o, 42^o, 77^o, 112^o e 147^o dias de idade, e seus pesos foram utilizados para a análise.

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); β_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; α_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para a codorna i ; ϕ_m é a função polinomial de Legendre m da idade padronizada ($-1 < \text{idade} < 1$); e ε_{ij} denota o efeito aleatório residual.

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 (Bonafé, 2008).

Segundo Bonafé (2008), 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 5), visando determinar a ordem mínima necessária para descrever as estruturas de (co)variâncias em função do tempo.

Por isso, foram testadas duas possíveis modelagens de variância residual heterogênea, sendo agrupadas em 3 classes de idade: CL3: 1-7-14, 21-28-35 dias e 42-77-112-147 dias e 5 classes de idade: CL5: 1-7, 14-21, 28-35, 42-77 e 112-147 dias de idade.

Após a escolha da variância residual a ser utilizada na análise das matrizes das linhagens UFV1 e UFV2, foi realizado o estudo do modelo de regressão aleatória que se melhor aplica-se a curva de crescimento das matrizes de codorna de corte.

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 (9278 para UFV-1 e 8878 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:

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

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 se prefere 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.

3- RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1-Grupos genéticos UFV1 e UFV2

Foram testadas duas possíveis modelagens de variância residual heterogênea, sendo agrupadas em 3 classes de idade: CL3: 1-7-14, 21-28-35 e 42-77-112-147 dias e 5 classes de idade: CL5: 1-7, 14-21, 28-35, 42-77 e 112-147 dias de idade. Seguem, na tabela 1, os resultados AIC, BIC, Log_e L, NP e LRT, obtidos para as diferentes classes de heterogeneidade.

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

Linhagens	Modelo	2 LOG _e L	AIC	BIC	NP	LRT
UFV1	CL3	-42317.17423	84668.34846	84792.66618	15	-
	CL5	-42307.94582	84645.89165	84755.58375	17	-9.2284 ^{NS}
UFV2	CL3	-40155.71962	80341.43923	80449.9735	15	-
	CL5	-39836.15207	79706.30415	79829.30966	17	-319.8215 ^{**}

^{**} significativo a 1% de probabilidade; ^{NS} Não significativo CL - classes de idades

De acordo com todos os critérios utilizados para avaliar a qualidade de ajuste, o modelo que considerou a heterogeneidade de variância residual CL3 mostrou-se adequado à linhagem UFV1, e o modelo CL5 mostrou-se um modelo adequado à linhagem UFV2.

Para a linhagem UFV1, não houve aumentos significativos ($P < 0,01$) no Log_e L, pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) com o incremento do número de classes heterogêneas. Não se observam mudanças consideráveis nos valores de AIC e BIC, sendo estes fatores considerados na avaliação dos modelos.

O modelo CL3, com três classes, poderia ser utilizado sem perdas na qualidade do ajuste de variância dos dados para a linhagem UFV1, além de ser mais parcimonioso em relação ao modelo CL5.

Sarmiento (2007), ao trabalhar 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.

Bonafé (2008), ao estudar a curva de crescimento de codornas, mostra que as estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações foram influenciadas pela modelagem da variância residual. Faz-se necessária a utilização de heterogeneidade de variância, para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento de codornas de corte.

3.2- Modelos de regressão Aleatória

3.2.1-Grupo genético UFV1 e UFV2

Na Tabela 2, estão apresentados os valores do Logaritmo da função de verossimilhança ($2\text{Log}_e L$), 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 na linhagem UFV1 e UFV2.

Tabela 2- Número de parâmetros (NP), logaritmo da função de máxima verossimilhança (LRT), critério de informação de Akaike (AIC) e critério de informação Bayesiano (BIC) estimados para os modelos estudados das linhagens de codorna de corte UFV-1 e UFV-2.

LINHAGEM UFV1					
Modelo¹	2LOG_eL	AIC	BIC	NP	LRT
33	-42307.94582	84645.89165	84755.58375	15	
34	-42307.94583	84246.10952	84385.05285	19	0.00001 ^{ns}
35	-40032.23367	80112.46736	80287.97471	24	2275.717**
44	-41590.12205	83226.2441	83394.43866	23	1557.881**
45	-40015.91346	80087.82692	80292.58551	28	1554.208**
55	-39376.79835	78819.59671	79060.91933	33	639.115**
LINHAGEM UFV2					
Modelo¹	2LOG_eL	AIC	BIC	NP	LRT
33	-39836.152	79706.3141	79829.3086	17	
34	-43329.0518	86700.1037	86852.05177	21	3492.898**
35	-38221.809	76495.6181	76683.7442	26	5017.962**
44	-38576.0534	77202.1068	77382.9972	25	354.244**
45	-39181.7352	78423.4704	78640.5389	30	605.6818**
55	-38501.2751	77072.5502	77325.7969	35	680.4601**

** significativo a 1% de probabilidade; ¹ ordem de ajuste para os efeitos genéticos aditivo direto e ambiente permanente.

De acordo com 2Log_e L, as ordens mais altas dos polinômios para os efeitos produziram maiores valores, o que sugere que o modelo mais parametrizado (modelo 55, com 33 parâmetros a serem estimados) com $k_a=5$, para os efeitos genético aditivo direto e $k_c=5$ para ambiente permanente de animal, proporcionou melhor ajuste para a linhagens UFV1 e o modelo 35 (com 26 parâmetros a serem estimados) com $k_a=3$ para os efeitos genético aditivo direto e $k_c=5$ para ambiente permanente de animal, proporcionou melhor ajuste para a UFV2.

Os modelos com melhores ajustes foram o modelo 55, para a linhagem UFV1, e o modelo 35, para a linhagem UFV2 (Tabela 1), com base nos resultados observados pelo Critério de Informação Bayesiano (BIC) e o Critério de Informação de Akaike (AIC).

Os componentes de variância estimados pelos modelos estudados para as linhagens UFV1 e UFV2, são apresentados nas Tabelas 3, 4, 5, 6 e 7.

Na Tabela 3, estão apresentadas as estimativas de variância genética aditiva, para os modelos estudados na linhagem UFV1 e UFV2.

Tabela 3 – Estimativas de variância genética aditiva, para as linhagens de codorna de corte UFV1 e UFV2.

LINHAGEM UFV1										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	13.48	1.88	45.71	134.99	254.2	389.53	528.86	980.48	692.65	64.28
34	16.74	0.5	34.3	111.41	218.89	345.11	476.66	1003.53	911.88	341.2
35	0.73	11.99	66.92	157.57	274.89	410.53	556.86	1232.11	1441.98	1037.75
44	44.78	1.5	55.72	131.44	206.87	308.2	484.49	3598.73	6064.54	451.28
45	0.76	13.56	69.65	159.27	277.7	424.09	599.02	1805.78	2446.54	916.51
55	8.71	114.27	247.78	220.48	272.37	617.59	1265.27	2490.78	6451.69	3184.19
LINHAGEM UFV2										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	76.73	32.15	51.01	127.71	244.67	386.21	538.53	1111.56	973.43	529.38
34	0.11	2.2	9.85	21.27	34.81	49.07	62.82	95.42	49.11	0.15
35	2.22	8.51	59.23	146.02	258.6	387.63	524.73	1103.23	1165.45	721.23
44	57.09	1.11	80.11	219.63	358.68	466.87	535.72	670.04	1106.67	692.2
45	712.79	106.16	32.94	301.97	671.61	996.15	1202.73	684.7	274.14	437.53
55	29.5	21.57	36.91	94.45	203.39	348.95	495.08	230.36	421	889.85

A variância genética aditiva estimada para as aves da linhagem UFV1 foi semelhante até os 28 dias de idade, apresentando maior variação para o modelo 55, a partir desta idade. Na linhagem UFV2, observou-se uma maior oscilação entre as variâncias aditivas nos diversos modelos estudados.

Bonafé (2008), ao analisar a variância genética aditiva em codornas de corte, obteve estimativas semelhantes, porém encontrou maior variação, a partir dos 21 dias de idade.

Pode-se observar queda na variância genética aditiva a partir dos 112 dias de idade, na linhagem UFV1, e aos 77 dias de idade, na linhagem UFV2, em todos os modelos estudados.

Estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas crescentes, ao longo da trajetória, foram relatadas em ovinos de corte, por Sarmento (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.

As estimativas foram crescentes, ao longo do tempo, diferente do que foi apresentado por Dionello, Corrêa *et al.*(2006) e citado por Bonafé (2008), que estudaram codornas européias, admitindo Polinômio de Legendre de ordem 3. Estes autores encontraram variância genética aditiva, que variou de 1,18 a 532,8, com oscilações associadas ao avançar da idade.

Na Tabela 4, estão apresentadas as estimativas de variâncias de ambiente permanente, para os modelos estudados na linhagem UFV1 e UFV2.

Tabela 4 – Estimativas de variâncias de ambiente permanente por idade, para a linhagem de codorna de corte UFV1 e UFV2.

LINHAGEM UFV1										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	0.14	0.24	2.05	5.19	9.19	13.65	18.18	32.94	24.22	3.3
34	69.75	0.66	44.23	64.78	33.15	7.86	89	4466.94	8401.45	28.05
35	14.73	178.39	273.38	63.25	126.05	899.59	2331.96	2767.19	6292.53	9468.72
44	0.57	0.32	3.64	9.17	15.61	22.01	27.79	40.56	37.49	46.1
45	17.84	183.69	239.85	98.73	54.1	603.228	1727.21	1600.49	8324.74	3153.03
55	0.36	4.45	14.34	20.63	20.56	15.32	8.03	28.66	92.37	10.5
LINHAGEM UFV2										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	2.91	0.41	2.07	8.79	19.11	32.03	46.62	118.55	143.42	101.83
34	25.63	146.65	400.09	427.34	336.6	509.33	1404.36	22682.19	27894.13	9423.6
35	1.44	13.83	34.56	225.22	795.58	1778.23	2991.9	3242.51	2584.56	1648.11
44	1.34	0.11	2.31	10.86	27.51	53.68	90.17	404.07	689.34	502.98
45	727.88	189.38	70.69	80.89	111.29	189.53	358.15	1561.39	1203.92	1151.36
55	11.93	24.62	81.89	110.12	172.63	352.69	699.75	4932.49	10723.47	142.48

As estimativas de variância de ambiente permanente foram crescentes para a linhagem UFV1 e UFV2, obtendo queda aos 147 dias, para ambas as linhagens.

Bonafé (2008) encontrou estimativas de ambiente permanente crescentes, do nascimento aos 42 dias de idade. O único modelo que divergiu deste resultado crescente foi o modelo de repetibilidade, que manteve as variâncias de ambiente permanente constantes.

Akbas et al (2004) e Winter (2005) encontraram valores de covariâncias para ambiente permanente, positivas e crescentes, entre os pesos corporais em codornas de corte.

Na Tabela 5, estão apresentadas as estimativas de variâncias fenotípicas, para os modelos estudados na linhagem UFV1 e UFV2.

Tabela 5 – Estimativas de variâncias fenotípicas por idade, para a linhagem de codorna de corte UFV1 e UFV2.

LINHAGEM UFV1										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	331.55	320.05	365.69	260.86	384.07	523.85	5757.42	6223.8	5927.25	5277.95
34	546.01	460.67	538.04	338.74	414.6	515.62	1914.05	6815.86	10658.72	1714.64
35	43.97	218.88	368.81	395.55	575.66	1484.84	5984.11	7094.58	10829.79	13601.75
44	531.52	487.99	545.53	303.25	385.11	492.85	1665.17	4792.18	7254.91	1650.26
45	48.95	227.59	413.98	435.61	509.41	1204.92	5254.3	6334.33	13699.34	6997.6
55	36.89	146.85	290.26	412.64	464.47	804.43	4320.68	5566.81	9591.43	6242.07
LINHAGEM UFV2										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	310.31	262.85	290.69	374.12	1739.85	1894.31	3436.21	4081.16	3792.16	3306.52
34	482.58	606.05	1195.72	1233.57	371.43	558.42	13528.31	34838.75	47273.11	28753.62
35	103.13	121.8	211.11	488.57	1592.66	2704.35	5783.91	6613.02	4407.66	3027
44	429.19	371.86	417.14	565.21	917.81	1052.16	1824.02	2272.23	2212.17	1611.33
45	5371.17	4226.03	106.8	386.03	1121.84	1524.16	2634.75	3319.96	1810.7	1921.54
55	235.83	240.59	304.25	390.03	716.38	1042	2520.54	6488.56	13581.21	5702.13

Assim como encontrado por Akbas et al. (2004) e Bonafé (2008), todos os componentes de variância aumentaram com a idade das codornas. A variância

fenotípica estimada, para a linhagem UFV2, aumentou consideravelmente com o tempo, sendo observada queda, a partir do 77º dia de idade.

Na Tabela 6, estão apresentadas as estimativas de variância residual, para os modelos estudados na linhagem UFV1 e UFV2.

Tabela 6 – Estimativas de variância residual de peso por idade, para a linhagens de codorna de corte UFV1 e UFV2.

LINHAGEM UFV1										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	317.92	317.92	317.92	120.6683	120.6683	120.6683	5120.369	5120.37	5120.369	5120.369
34	459.5097	459.5097	459.5097	162.6	162.6	162.6	1345	1345	1345	1345
35	28.5016	28.5016	28.5016	174.7207	174.7207	174.7207	3095.282	3095.28	3095.282	3095.282
44	486.1679	486.1679	486.1679	162.6331	162.6331	162.6331	1152.885	1152.89	1152.885	1152.885
45	29.8421	29.8421	29.8421	173.0847	173.0847	173.0847	2977.175	2977.17	2977.175	2977.175
55	28.1358	28.1358	28.1358	171.5338	171.5338	171.5338	3047.373	3047.37	3047.373	3047.373
LINHAGEM UFV2										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	230.6623	230.6623	237.61	237.61	1476.064	1476.064	2851.049	2851.05	2675.301	2675.301
34	457.2038	457.2038	784.9649	784.9649	0.01	0.01	12061.13	12061.1	19329.87	19329.87
35	99.4662	99.4662	117.3234	117.3234	538.4804	538.4804	2267.268	2267.27	657.6454	657.6454
44	370.756	370.756	334.7155	334.7155	531.6062	531.6062	1198.119	1198.12	416.1556	416.1556
45	3930.493	3930.493	3.1598	3.1598	338.9293	338.9293	1073.864	1073.86	332.6463	332.6463
55	194.3962	194.3962	185.4555	185.4555	340.3548	340.3548	1325.708	1325.71	2436.736	2436.736

Na Tabela 7, estão apresentadas as estimativas herdabilidade de peso por idade, para as linhagens de codorna de corte UFV1 e UFV2.

Tabela 7 – Estimativas de herdabilidade de peso por idade, para a linhagem UFV1 e UFV2.

LINHAGEM UFV1										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	0.04	0.05	0.12	0.51	0.66	0.74	0.09	0.15	0.11	0.12
34	0.03	0.01	0.06	0.32	0.52	0.66	0.25	0.14	0.08	0.19
35	0.01	0.05	0.18	0.39	0.47	0.27	0.09	0.17	0.13	0.07
44	0.08	0.03	0.1	0.43	0.53	0.62	0.29	0.75	0.83	0.27
45	0.01	0.05	0.16	0.36	0.54	0.35	0.11	0.28	0.17	0.13
55	0.23	0.07	0.85	0.53	0.58	0.76	0.29	0.44	0.67	0.51
LINHAGEM UFV2										
Modelo	1	7	14	21	28	35	42	77	112	147
33	0.24	0.12	0.17	0.34	0.14	0.2	0.15	0.27	0.25	0.16
34	0.03	0.03	0.08	0.17	0.09	0.08	0.46	0.27	0.1	0.05
35	0.02	0.06	0.28	0.28	0.16	0.14	0.09	0.16	0.26	0.23
44	0.13	0.02	0.19	0.38	0.39	0.44	0.29	0.29	0.5	0.42
45	0.13	0.02	0.3	0.78	0.59	0.65	0.45	0.2	0.15	0.22
55	0.12	0.08	0.12	0.24	0.28	0.33	0.19	0.35	0.3	0.15

As herdabilidades estimadas foram de médias a altas, exceto das características peso, aos 7 e 14 dias de idade. Ton et al. (2006) encontraram herdabilidades baixas, que variaram de 0,05 a 0,07.

Dionello, Silva *et al.* (2006) encontraram herdabilidade de 0,08 para peso ao nascimento, estando de acordo com o resultados encontrados.

Dionello et al. (2008) ao estudar o peso corporal do grupo genético EV1, obteve resultados semelhantes aos descritos por Akbas et al. (2004) que, ao usarem modelos de regressão aleatória, para avaliarem o crescimento de codornas de corte, encontraram aumento linear nos valores de herdabilidades dos pesos corporais, até o 28º dia de idade, com a variância genética dos pesos corporais avaliados reduzidos, ao final do período.

4- CONCLUSÕES

O modelo que considerou a heterogeneidade de variância residual com 3 classes mostrou-se adequado à linhagem UFV1 e o modelo com 5 classes mostrou-se adequado à linhagem UFV2. A utilização de uma função polinomial de Legendre, com as ordens 5, para efeito genético aditivo direto e 5, para efeito permanente de animal, para a linhagem UFV1, e de ordens 3, para efeito genético aditivo direto e 5, para efeito permanente de animal para a linhagem UFV2, devem ser utilizados na avaliação genética da curva de crescimento de matrizes de codornas de corte em estudo.

5 - REFERÊNCIAS

Akbas, Y. *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.

Bonafé, C. M. **Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 58p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 2008.

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.** 43^a 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.

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.

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

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.

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.