

RODRIGO DE OLIVEIRA PACHECO

ESTUDO GENÉTICO DA PRODUÇÃO DE OVOS EM UMA LINHA DE FRANGO
DE CORTE POR MEIO DE ANÁLISES MULTICARACTERÍSTICAS E
REGRESSÃO ALEATÓRIA

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS-BRASIL
2010

RODRIGO DE OLIVEIRA PACHECO

**ESTUDO GENÉTICO DA PRODUÇÃO DE OVOS EM UMA LINHA DE FRANGO
DE CORTE POR MEIO DE ANÁLISES MULTICARACTERÍSTICAS E
REGRESSÃO ALEATÓRIA**

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

APROVADA: 19 de julho de 2010

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Coorientador)

Prof. Rodolpho de Almeida Torres Filho
(Coorientador)

Prof. Sergio Luiz de Toledo Barreto

Prof. Antônio Policarpo Souza Carneiro

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Orientador)

"A dúvida é o princípio da sabedoria" (Aristóteles).

Aos meus pais Catarina e Braz, pela força e incentivo;
ao meu irmão Luciano pela ajuda; à minha tia Catarina
por estar sempre ao meu lado; e aos meus afilhados
Marco Aurélio e Miguel. Dedico este trabalho

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Zootecnia pela oportunidade.

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

Ao Professor Ricardo (Bajá), um orientador sem comparação, que é um grande exemplo de humildade e inteligência, que é capaz de deixar orgulhoso qualquer aluno que tenha o privilégio de ser seu orientado.

Também agradeço ao professor Robledo, pessoa de grande caráter e senso de humor, pois sua ajuda foi de fundamental importância para a realização deste trabalho.

Agradeço ao co-orientador Rodolpho de Almeida Torres Filho pela atenção e pelo fornecimento dos dados.

Agradeço aos membros da banca: Prof. Sérgio Luiz de Toledo Barreto e ao Prof. Antônio Policarpo Souza Carneiro.

À Deus, que é a minha força e ajuda constante. Também agradeço aos meus pais Catarina e Braz, que são meu apoio e minha vida. São também a esperança do saber que tudo o que queremos, podemos conseguir, mas sem esquecer a humildade. Também por me ensinar que cada coisa e cada pessoa tem seu valor. E simplesmente por estarem sempre presentes.

Ao meu irmão Luciano, agradeço por sempre ser muito prestativo, sempre disposto a ajudar e por me dar um grande presente chamado Miguel.

Aos meus tios Catarina e Lécio, agradeço pelo carinho e apoio de pais, agradeço sinceramente pelos conselhos objetivos e também a todos os instantes que vibraram comigo a cada nova conquista.

À minha tia Iná por todos os elogios e considerações, por sua determinação, que serviu e servirá como exemplo, na qual me espelhei.

Agradeço aos Amigos à Carla e ao Luciano, que muito me ajudaram, pois sem essa ajuda este trabalho não seria o mesmo. E aos amigos que ajudaram a superar mais uma etapa: Joashlenny, Mariele, Jefersom e Renata.

E de modo especial, agradeço à Cássia pelo longo tempo de amizade, estando sempre presente em cada momento. Também à Luana pela grande amizade e seus conselhos valiosos.

BIOGRAFIA

RODRIGO DE OLIVEIRA PACHECO, filho de Catarina de Fátima de Oliveira Pacheco e Braz Faraco Pacheco, nasceu em Petrópolis – RJ, em 6 de Fevereiro de 1986.

Iniciou o curso de graduação em Medicina Veterinária no Centro Universitário Serra dos Órgãos em fevereiro de 2003. De agosto a dezembro de 2004, foi monitor da disciplina de Histologia dos animais domésticos, na referida instituição.

Em julho de 2007 graduou-se em Medicina Veterinária pelo Centro Universitário serra dos Órgãos, em Teresópolis – RJ.

Em agosto de 2008 iniciou o mestrado em Zootecnia, sob a orientação do Professor Ricardo Frederico Euclides, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa – MG.

Em 19 de julho de 2010, submeteu-se aos exames finais de defesa de dissertação para a obtenção do título de *Magister scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	ix
INTRODUÇÃO GERAL	1
REVISÃO DE LITERATURA	3
A) Produção de ovos	3
B) Parâmetros Genéticos e Fenotípicos	5
C) Regressão Aleatória	8
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	15
CAPÍTULO 1	22
AVALIAÇÃO DE PERÍODOS PARCIAIS DE PRODUÇÃO DE OVOS COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO EM UMA LINHA DE FRANGO DE CORTE	22
CHAPTER 1	23
EVALUATION OF PARTIAL PERIODS OF EGGS PRODUCTION AS SELECTION CRITERIA IN A BROILER CHICKEN LINE	23
INTRODUÇÃO	24
MATERIAL E MÉTODOS	26
RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
CONCLUSÕES	32
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	33
CAPÍTULO 2	35
AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE OVOS EM UMA LINHA DE FRANGO DE CORTE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	35
CHAPTER 2	36
EVALUATION OF EGGS PRODUCTION IN A BROILER LINE CHICKEN USING RANDOM REGRESSION MODELS	36
INTRODUÇÃO	37
MATERIAL E MÉTODOS	39
RESULTADOS E DISCUSSÃO	43
CONCLUSÕES	48
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	49

RESUMO

PACHECO, Rodrigo de Oliveira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, Julho de 2010. **Estudo genético da produção de ovos em uma linha de frango de corte por meio de análises multicaracterísticas e regressão aleatória.** Orientador: Ricardo Frederico Euclydes. Co-Orientadores: Robledo de Almeida Torres e Rodolpho de Almeida Torres Filho.

Objetivou-se com este trabalho, estimar os parâmetros genéticos para os períodos parciais e para o período total de produção de ovos, por meio de análises bi-características, a fim de verificar a possibilidade do uso do desempenho nos períodos parciais, em substituição ao período total, nas avaliações genéticas (Capítulo 1) e comparar modelos de regressão aleatória, com diferentes ordens nos polinômios de Legendre, para avaliar qual dentre modelos avaliados promove o melhor ajuste para a produção de ovos, e a partir do modelo que promover o melhor ajuste, obter as herdabilidades, variâncias e correlações da produção de ovos (Capítulo 2). Foram utilizados neste estudo dados de 2.146 fêmeas de uma linhagem reserva de frango, provenientes de uma empresa localizada na região sul do país. A Produção de ovos foi avaliada por meio do número de ovos produzidos entre a 25ª e a 64ª semana de idade das aves. Para as análises bi-características foram formados quatro períodos parciais da 25ª até a 31ª (P31), da 25ª até a 40ª (P40), da 25ª até a 48ª (P48) e da 25ª até a 52ª (P52) semana de idade e o período de produção total (PTOTAL) da 25ª a 64ª semana de idade. Utilizou-se para a análise o modelo animal bicaracterístico. P40, P48 e P52 apresentaram valores da eficiência relativa das respostas correlacionadas com o período com o PTOTAL superiores a 1, sendo a indicação da seleção pelas repostas correlacionadas, um eficiente critério de seleção. A seleção no P40 pode ser recomendada pois apresentou o maior valor de herdabilidade (0,40) e um valor de 0,70 para a correlação genética deste período com o PTOTAL, possibilitando assim um maior ganho por unidade de tempo como consequência da eficiência relativa e da redução do intervalo de geração. O modelo geral de regressão aleatória proposto incluiu os efeitos fixos de eclosão, trajetória média de produção, e os efeitos aleatórios genético-aditivos, de ambiente permanente e efeito residual.

O modelo com função polinomial de Legendre de ordem três para os efeitos fixos e de ordem quatro para os efeitos aleatórios genético-aditivo direto e de ambiente permanente de animal foi o modelo que promoveu um melhor ajuste da produção de ovos. O teste da razão da verossimilhança (LRT) indicou diferença ($P < 0,01$) e melhores valores para o logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$), para o critério de informação de Akaike (AIC) e para o critério de informação Bayesiano (BIC) para o modelo de melhor ajuste. As variâncias genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas apresentaram oscilações com o avançar da idade. As herdabilidades estimadas pelo modelo que promoveu o melhor ajuste foram de baixas a moderadas, sendo o maior valor (0,28), encontrado próximo ao pico de produção. As estimativas de correlação genética aditiva e de ambiente permanente foram bastante variáveis.

ABSTRACT

PACHECO, Rodrigo de Oliveira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2010. **Genetic evaluation of egg production in one reserve female broiler line by partials periods and random regression.** Adviser: Ricardo Frederico Euclides. Co- Advisers: Robledo de Almeida Torres e Rodolpho de Almeida Torres Filho.

This work aimed to estimate genetic parameters for the partial periods and for the total period of egg production, through the bi-characteristics analyses, to verify the possibility of using the performance in partial periods, replacing total period, in genetic evaluation (Chapter 1) and compare random regression models with different orders of Legendre polynomials to evaluate which of the models evaluated promotes the best fit for eggs production, and from model to promote the best fit, obtain the heritability, variances and correlations of production eggs (Chapter 2). In this study has used data of 2,146 females from a broiler chicken line, from a company located in the south of the country. The eggs production was evaluated by the number of eggs produced between the 25th and 64th weeks of age birds. For the bi-characteristics were formed four partial periods of the 25th until 31st (P31), 25th until 40th (P40), 25th until 48th (P48) and the 25th to 52nd (P52) weeks of age and period of total production (PTOTAL) of the 25th to 64th week of age. It was used for analyze the bi-characteristic animal model. P40, P48 and P52 showed values of the relative efficiency of the correlated responses with the period with PTOTAL greater than 1, with an indication of selection by correlated responses an efficient selection criterion. The selection in P40 can be recommended as it showed the highest heritability (0.40) and a value of 0.70 for the genetic correlation with PTOTAL this period, thus allowing a higher gain per unit time as a result of efficiency and on reducing the generation interval. The general random regression model proposed for the fixed effects of hatching, mean trend of production, and the random effects-additive, permanent environmental and residual effects. The model with Legendre polynomial of order three for the fixed effects and the fourth order for the random direct additive genetic and permanent environment

of animal was the model that promoted a better fit for egg production. The likelihood ratio test (LRT) has indicated difference ($P < 0.01$) and best values for the log-likelihood function ($\text{Log}_e L$) for the Akaike information criterion (AIC) and the Bayesian information criterion (BIC) for the best model. Genetic variances, permanent environmental and phenotypic variations presented with advancing age. The heritability estimates for the model that promoted the best fit were low to moderate, with the largest value (0.28), found near the peak of production. Estimates of additive genetic correlation and permanent environment varied widely.

INTRODUÇÃO GERAL

Os grandes progressos da avicultura são decorrentes do melhoramento genético, nutrição, manejo e sanidade verificados ao longo do tempo, que transformaram o empreendimento num verdadeiro complexo econômico. Um dos grandes méritos da avicultura atual está relacionado ao melhoramento genético das aves de corte, que tem proporcionado altas produções às linhagens, sendo estas selecionadas para alta produção.

Atualmente o Brasil produz aproximadamente 11,895 milhões de toneladas de carne de frango, ficando atrás apenas dos Estados Unidos e da China. No mercado internacional de carne de frango, o Brasil merece destaque por se consolidar como o maior exportador, com cerca de 38,1% do mercado.

A grande evolução da avicultura de corte é decorrente, principalmente, da utilização dos recursos do melhoramento genético, que é a principal ferramenta para incrementar a produtividade da cadeia produtiva da carne de frango, e está interligada com outras áreas da cadeia produtiva como: manejo, ambiência, nutrição e biossegurança. As inovações tecnológicas destas áreas correlatas são orientadoras do programa de seleção que visa maximizar a expressão genética dos animais no ambiente real de produção.

Segundo estudo realizado pela CNPSA/EMBRAPA em 2001, a participação da variável material genético representa, aproximadamente, 8,3% do custo total da avicultura de corte (Voyego et al., 2008).

Os programas de melhoramento genético realizam um constante acompanhamento das características de importância econômica de cada linha e de seus cruzamentos. A partir destes estudos é que os critérios de seleção são estabelecidos para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior geração após geração (Boaretto, 2009).

A seleção para características reprodutivas tem como objetivo o aumento da produção e da qualidade da progênie. As características sob seleção são: produção de ovos, fertilidade, eclodibilidade e qualidade do pintinho. Como consequência, esta seleção conduz à diminuição do custo de produção de cada pintinho.

O melhoramento genético permite um aumento na produção, o que contribui com o desenvolvimento no setor avícola, tendo como resultado, um

produto com maior qualidade e baixo custo para os consumidores.

REVISÃO DE LITERATURA

A) Produção de ovos

A produção de ovos está entre as mais importantes características de produção e pode influenciar diretamente no lucro da atividade de produção animal. Esta depende de três fatores principais: a idade ao primeiro ovo, taxa de postura e persistência de postura. A escolha do melhor critério de seleção para a produção de ovos deve levar em consideração esses três fatores (Santos et al., 2003).

Geralmente as matrizes pesadas começam a produzir ovos por volta da 23ª semana de idade, e entre a 24ª e a 25ª semana de idade alcançam 5% de postura (galinha/dia). Após 6 semanas alcançam o pico de produção de ovos (85-87%), e assim se mantêm por 2 a 4 semanas. Após este período, a produção de ovos declina gradualmente, chegando a 55% de produção de ovos na 64ª semana de idade. Esse declínio na produção de ovos após o pico é mais rápido em matrizes pesadas do que em poedeiras, o que é comercialmente referido como falta de persistência. Em parte, este declínio no número de ovos ocorre devido a uma redução na seqüência da postura, com uma maior proporção de dias onde não ocorre oviposição (Rutz et al., 2007).

No estudo da curva de produção de ovos, dados de registros tomados ao longo da vida do animal são denominados dados longitudinais, ou seja, podem ser analisados no decorrer do tempo (Anang et al., 2000) por meio de funções lineares (Al-Samarai et al., 2008), funções não lineares (Grossman et al., 2000; Fialho & Ledur, 1997), modelos de repetibilidade (Wolc et al., 2007) e análises multi-características (Pires et al., 2002; Wolc et al., 2008).

A produção de ovos é um fator importante para a avicultura de corte, pois dela depende a produção de pintos, que é uma característica reprodutiva, que por sua vez também é dependente da fertilidade e da eclodibilidade (Custódio, 1997).

Com o intuito de otimizar ao máximo seus produtos, como alternativa de contornar crises periódicas no setor avícola, é feita uma seleção menos rigorosa para ovos e para pintos. Contudo, a qualidade do pinto é muito

importante na cadeia de produção, pois está diretamente relacionada ao desempenho produtivo do frango (Leandro et al., 2006).

De acordo com Tullett & Burton (1982), as características de ovo como: peso inicial do ovo fértil (fresco), perda de peso do ovo durante a incubação e peso da casca e dos resíduos da eclosão são responsáveis por 99,47% da variação do peso do pinto no momento da eclosão, uma vez que a uniformidade do tamanho e do peso ao primeiro dia das aves são considerados como os principais fatores para estabelecer os padrões de qualidade do pinto.

O peso, a qualidade e a composição do ovo estão relacionados com a idade da matriz e tem forte influência no peso do pinto no momento da eclosão (Lara et al., 2005; Leandro et al., 2006). A ovulação do folículo pré-ovulatório primário (F1) em matrizes pesadas logo que atingem a maturidade sexual ocorre a cada 24-25 horas, porém, à medida que envelhecem, o intervalo de ovulações aumenta para 26-27 horas ou mais e o resultado são seqüências de postura mais curtas e com intervalos mais freqüentes, reduzindo a produção e aumentando o peso dos ovos (Vieira, 2000; Rocha et al., 2008).

A fertilidade e a produção de ovos são consideradas como propriedades dos pais, mas a eclodibilidade é inerente a habilidade do embrião sobreviver e da contribuição materna à sobrevivência do embrião. Apesar da baixa herdabilidade, essas características influenciam a eclodibilidade, por apresentar correlação positiva. Por outro lado, o peso corporal à idade adulta e a taxa de crescimento apresentam correlação negativa com a produção de ovos (Custódio, 1997).

A produção de ovos menores e mais leves é uma característica de lotes de matrizes pesadas jovens no início do período de produção (Bruzual et al., 2000), sendo esta ocasionada pela menor deposição de albúmem e gema no ovo durante seu processo de formação, o que pode disponibilizar poucos nutrientes para o crescimento do embrião (Leandro et al., 2006). O peso do pinto ao nascer representa aproximadamente 70% do peso do ovo (Fiúza et al., 2006). O peso do pinto varia de 61,5 a 76% do peso do ovo (Shanawany, 1987). Assim, o uso de matrizes jovens resulta também na produção de pintos menos desenvolvidos, em maior mortalidade e pior desempenho (Leandro et al., 2006). Por outro lado, matrizes mais jovens produzem ovos e gemas mais uniformes do que matrizes mais velhas (Rocha et al., 2008).

No caso de matrizes com idade avançada, os embriões desenvolvidos nos ovos maiores são menos tolerantes ao calor metabólico excessivo produzido no final do período de incubação, resultando na redução da eclodibilidade (Rocha et al., 2008).

Avaliando o rendimento de incubação de um lote de matrizes Cobb da 27^a até a 60^a semana de idade, Tona et al. (2001) observaram menor mortalidade embrionária e, conseqüentemente, a melhor eclodibilidade nos ovos provenientes de matrizes com 40 a 42 semanas de idade.

Vieira & Moran Jr. (1999) relataram que o ganho de peso de frangos originados de ovos pesados foi maior em comparação com aves originadas de ovos leves, independente da idade das matrizes.

Pintos provenientes de ovos menores apresentam retardo no crescimento embrionário e no período intermediário de incubação, em que as possíveis causas foram: menor fonte de nutrientes que são liberados e absorvidos à menor taxa, quando comparados com aves oriundas de ovos maiores (McLoughlin & Gous, 2000).

As mensurações da produção de ovos são obtidas por meio do número de ovos produzidos, expresso em unidade ou pela taxa de postura, expressa em termos de porcentagem, representada pelo número de ovos produzidos em um determinado período dividido pelo número de aves e o resultado multiplicado por 100. A produção de ovos pode ser avaliada diariamente, semanalmente, em períodos de 15 dias ou mensais (Venturini, 2009).

B) Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são de grande importância nas análises de características como a produção de ovos, pois são utilizadas para conduzir o processo de seleção nos programas de melhoramento genético de aves. Estas estimativas são de extrema importância para se alcançar altos ganhos genéticos na população e ter uma melhor seleção das linhas (Ledur et al., 1993; Venturini, 2009).

A herdabilidade (h^2) constitui a expressão da proporção da variância total que é atribuível aos efeitos médios aditivos dos genes, isto é, à variância genética aditiva (Falconer, 1987). É fundamental na predição do valor genético do animal, na formulação da estratégia a ser usada em melhoramento e na predição da resposta à seleção. Tem como função principal, expressar a confiança que se pode ter no valor fenotípico de um animal como guia para prever seu valor genético aditivo (Vayego, 2007).

As características que respondem melhor à seleção são aquelas que apresentam valores de herdabilidade de moderados a altos. Quando a característica apresenta baixa herdabilidade, há diferenças de ambiente entre os indivíduos ou a correlação entre genótipo e o fenótipo é pequena (Vayego, 2007).

Os valores de herdabilidade podem variar de 0,0 a 1,00 ou de 0% a 100%. Quando a herdabilidade for de 0,0 a 0,20, é considerada baixa; de 0,20 a 0,40, média; e acima de 0,40, alta (Cardellino & Rovira, 1987).

Se uma característica é fortemente influenciada por variações das condições de ambiente, a herdabilidade da característica será baixa em uma população na qual as condições de ambiente sofrem grandes variações. Por outro lado, a mesma característica em condições de ambiente mais estáveis, pode apresentar valores de herdabilidade mais elevados (Pereira, 2001).

Vayego (2007) após consultar vasta literatura encontrou valores de herdabilidade entre 0,18 e 0,63 para idade à maturidade sexual; 0,15 e 0,30 para produção diária de ovos e 0,25 a 0,34 para produção de ovos até a 40ª semana de idade.

Outro parâmetro importante é a correlação genética entre duas características, que corresponde à correlação entre os efeitos dos genes que as influenciam. Ela representa a correlação entre os valores genéticos de um indivíduo para as características em consideração. Esta correlação será positiva, quando as características desenvolvem-se no mesmo sentido, seja aumentando ou diminuindo seus valores; será negativa quando as características tomarem sentidos opostos (Vayego, 2007).

É de suma importância o conhecimento da correlação genética quando a seleção de uma característica é dificultada em razão de uma herdabilidade

baixa, uma vez que a seleção para uma determinada característica pode causar resposta em uma outra geneticamente correlacionada (Vayego, 2007).

O objetivo e o critério de seleção devem estar bem definidos para que um programa de melhoramento genético funcione. Para isto, são necessárias informações confiáveis acerca dos parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) e fenotípicos (correlações fenotípicas) associados às características envolvidas no melhoramento (Vayego et al., 2008).

O conhecimento das magnitudes das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas da característica avaliada ou de sua herdabilidade é exigida pela estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos. Essas variâncias geralmente são desconhecidas, o que torna necessário estimar, primeiro, os componentes de co-variância e, depois, os parâmetros genéticos e fenotípicos (Vayego et al., 2008).

O uso dos métodos de máxima verossimilhança para estimar os componentes de co-variância tem sido utilizado em análises de dados de reprodução animal pelo Modelo Animal, pois esses métodos são consideravelmente menos viesados pela seleção do que seus correspondentes de Análise da Variância (ANOVA) (Vayego et al., 2008).

Inferências pontuais realizadas a partir de funções de verossimilhança não são afetadas por algumas formas de seleção, motivo pelo qual, o método Máxima Verossimilhança Restrita (REML: Restricted Maximum Likelihood) se tornou padrão para a estimação de componentes de variância em programas de melhoramento genético. O método REML elimina o vício atribuído à mudança nas frequências alélicas pela seleção, por meio do uso da matriz de parentesco completa, o que torna possível a obtenção de componentes de variância para uma população-base não selecionada e a predição de valores genéticos de indivíduos de qualquer geração (Vayego et al., 2008).

A estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as características usadas em seleção, assim como a estimação da tendência genética dessas características em linhagens de aves de corte, é realizada com os objetivos de orientar, conduzir e até avaliar a eficiência da seleção empregada, o que torna aconselhável o monitoramento constante desses itens em programas de seleção (Vayego et al., 2008).

Correlações negativas entre algumas características dificultam a estimação correta das variâncias e covariâncias genéticas, necessárias para a predição do valor genético das características avaliadas em cada indivíduo (Azevedo Jr et al., 2002). A utilização de uma ou duas linhas paternas e duas linhas maternas é importante, pois permite melhorar características antagônicas, como produção de ovos e peso corporal à maturidade sexual (Vayego et al., 2008).

Existe uma grande variabilidade nas estimativas dos parâmetros genéticos quando se avalia a produção parcial de ovos. Geralmente, são encontrados valores baixos de correlação genética entre os meses de produção de ovos (Anang et al., 2000; Szwaczkowski, 2003). Estes autores concluíram em seus estudos que o primeiro mês de produção de ovos apresenta alta estimativa de herdabilidade, que é resultado da variação existente na idade ao primeiro ovo. Porém, a seleção baseada no primeiro mês de produção para melhorar a produção total de ovos não seria muito eficiente, devido à baixa correlação genética entre o primeiro mês e as produções seguintes.

C) Regressão Aleatória

A avaliação genética e posterior eliminação dos animais dependem, dentre outros fatores, da disponibilidade de estimativa de parâmetros genéticos para características de interesse (Albuquerque, 2003).

Análises genéticas de características economicamente importantes em aves têm sido utilizadas para monitorar a variabilidade genética de linhagens em frangos de corte, sendo imprescindíveis as estimativas dos parâmetros genéticos no estabelecimento de programas de seleção. As estimativas de herdabilidade em idades específicas são necessárias para a determinação da melhor época para se efetuar a seleção, visando maximizar o potencial de ganho genético da população para uma característica (Ledur, 1992; Tholon & Queiroz, 2009).

Os modelos de regressão aleatória têm sido uma proposta para modelar características que são medidas repetidamente ao longo da vida do animal, como por exemplo, a produção de ovos. Essas características são denominadas mediadas repetidas ou dados longitudinais, e ao se trabalhar com esses dados, pode-se aumentar a acurácia e contribuir para o aumento dos ganhos genéticos obtidos com a seleção. Nesse contexto, os modelos de regressão aleatória têm sido reconhecidos como mais apropriados para a análise de dados longitudinais, na área de melhoramento genético (Albuquerque, 2003; Sarmiento et al., 2008; Sousa et al., 2008).

Esses modelos têm sido muito utilizados no melhoramento animal, para modelar dados de medidas feitas sequencialmente no mesmo animal, ao longo do tempo, como registros diários de produção de leite durante a lactação, para modelar o crescimento corporal de animais, assim como em estudos de normas de reação, que avaliam sensibilidade do genótipo às variações de ambiente (Sousa et al., 2008).

Os dados longitudinais merecem um tratamento estatístico especial, devido ao padrão de covariâncias entre as medidas repetidas ser bem estruturado. E para que se possam fazer inferências sobre este tipo de dados, é importante modelar esta estrutura de covariâncias (Van de Werf & Shaeffer, 1997).

Quando se compara modelos de regressão aleatória com tradicionais modelos animais, como o modelo de repetibilidade e o modelo multicaracterística, que fornecem previsões para determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a análise de registros repetidos de características que mudam gradualmente ao longo do tempo, a estimação de parâmetros genéticos e a predição de valores genéticos para qualquer idade que se desejar e para funções da curva, e não requerem pressuposições quanto à constância das variâncias e correlações (Albuquerque, 2003; Meyer, 2000; Sarmiento et al., 2008).

Meyer & Hill (1997) e Meyer (1998) mostraram que um modelo de regressão aleatória é um caso especial das funções de covariâncias e que os coeficientes dessas funções podem ser estimados diretamente dos modelos de regressão aleatória por máxima verossimilhança restrita.

Uma trajetória em função do tempo pode representar características que se alteram com a idade. Essas características apresentam um determinado valor em cada uma das infinitas (possíveis) idades e cada valor pode ser considerado como uma característica diferente. Tais trajetórias são denominadas de características de “dimensão infinita”. Como definido por Van der Werf & Schaeffer (1997), é uma função contínua que fornece as (co) variâncias de características medidas em diferentes pontos de uma trajetória, descrevendo a covariância entre medidas tomadas em determinadas idades como uma função destas idades.

Kirkpatrick & Heckman (1989) apresentam três vantagens dos modelos de função de covariância sobre os modelos tradicionais, multivariados: 1- as funções de covariância produzem uma descrição para todo ponto ao longo de uma escala contínua de medidas (tempo), permitindo que as covariâncias entre idades não mensuradas sejam obtidas facilmente por interpolação; 2- cada função de covariância tem um conjunto de autovalores e autofunções (análogos aos autovetores) que fornecem informações sobre a direção na qual a curva média (postura, crescimento, lactação, etc.) tem maior chance de ser modificada por seleção, pelo fato de apresentarem maior variância genética. Kirkpatrick & Heckman (1989) mostraram que as funções de covariância permitem a estimação de uma função de seleção gradiente contínuo, isto é, levando em conta os efeitos de seleção em todos os pontos. Assim, essas funções permitem uma predição da resposta à seleção mais acurada; 3- modelos de função de covariância tornam mais eficientes a utilização dos dados e estimação de parâmetros de interesse. Ajustando-se polinômios da menor ordem possível (necessária), evita-se a superparametrização, minimizando a variância do erro e reduzindo problemas de correlações amostrais negativas (Meyer & Hill, 1997). Kirkpatrick et al. (1994) acrescentam que, com este método, pode-se levar em conta a data correta em que os dados são coletados, mesmo quando os dados são tomados de forma irregular.

Meyer (1998) demonstrou que um modelo de função de covariância é equivalente a um modelo de regressão aleatória com as funções da idade (tempo) como covariáveis, e que as estimativas de máxima verossimilhança restrita (REML) dos coeficientes das funções de covariância podem ser obtidos como as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios. Um

modelo de regressão aleatória, usando polinômios de Legendre da idade (tempo) como variável independente, pode ser escrito como:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_c-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}^*) + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

y_{ij} é a medida do animal i no tempo j ;

F é um conjunto de efeitos fixos;

α_{im} e γ_{im} são os $m^{\text{ésimos}}$ coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente para o animal i , respectivamente;

t_{ij}^* é a j -ésima idade padronizada para o intervalo de -1 a 1, para o animal i ;

ϕ_m é o $m^{\text{ésimo}}$ polinômio de Legendre avaliados para t_{ij}^* ;

k_a e k_c são as ordens de ajuste dos polinômios correspondentes.

Desta forma, o vetor de valores genéticos normalmente obtido em uma análise multicaracterística, é substituído por um vetor com k_a coeficientes de regressão aleatórios genéticos aditivos. Em uma análise de regressão aleatória, o número de efeitos genéticos aditivos para cada animal é igual à ordem do polinômio utilizado.

Neste contexto, a covariância entre duas medidas de um mesmo animal é dada por:

$$\text{Cov}(y_{ij}, y_{i(j')}) = \sum_{m=0}^{k_a-1} (k_a - 1) \sum_{l=0}^{k_a-1} (k_a - 1) [\phi_{lm}(t_{ij}^*)] \phi_{l1}(t_{i(j')})^T +$$

Onde, os dois primeiros termos são as funções de covariâncias genética aditiva e de ambiente permanente, respectivamente; e as covariâncias entre os coeficientes de regressão são iguais aos coeficientes das funções de covariâncias, isto é, matriz K . Assumindo-se que os resíduos são distribuídos independentemente, com média zero e com variância $\text{Cov}(\varepsilon_{ij}, \varepsilon_{i(j')}) = \sigma_e^2$ para $j=j'$, e zero para $j \neq j'$ (Meyer, 1998).

O uso de regressão aleatória para modelar dados longitudinais não é recente e no contexto de modelos lineares foi apresentado por Henderson Jr

(1982). Trabalhos foram surgindo para estimação de parâmetros genéticos para produção de leite e/ou seus constituintes (Schaeffer & Dekkers, 1994; Jamrozik & Schaeffer, 1997; Jamrozik et al., 1997; Olori, 1997; Van der Verf et al., 1998; Brotherstone et al., 2000; Jamrozik & Schaeffer, 2002; Togash & Lin, 2002; Lin & Togashi, 2002), para descrição de curva de crescimento de suínos (Anderson & Pedersen, 1996), de gado de corte (Varona et al., 1997; Meyer, 2001, 2002) e de peixes (McKay et al. 2002); para estimação dos efeitos de interação genótipo X ambiente (Berry et al., 2002), de tendência genética (Tsuruta et al., 2002 e Lawlor, et al., 2002), de parâmetros genéticos de ingestão de alimentos em gado de corte (Schenkel et al., 2002), entre outros.

No Brasil, modelos de regressão aleatória têm sido aplicados a dados de produção de leite (El Faro, 2002; Costa et al., 2002), crescimento de bovinos de corte (Sakaguti, 2000; Albuquerque & Meyer, 2001; Nobre et al., 2002), reprodução de bovinos de corte (Mercadante, 2001), crescimento de codornas de corte (Bonafé, 2008) e produção de ovos (Szwaczkowski et al., 2006; Luo et al., 2007; Venturini, 2009).

Na maioria dos trabalhos, têm se utilizado regressões sobre polinômios de Legendre para modelar os dados longitudinais. Estes modelos não requerem qualquer pressuposição sobre a forma da curva ou trajetória da característica com o tempo. Entretanto, em geral, requerem o ajuste de polinômios de altos graus, especialmente para modelar os efeitos de ambiente permanente de animal (Brotherstone et al., 2000; Meyer, 2001) e, em consequência, apresentam um grande número de parâmetros a serem estimados.

Ao ajustar um modelo de regressão aleatória, assume-se implicitamente determinada estrutura de covariâncias entre as produções nos controles, imposta pelo modelo de regressão aleatória escolhido. Esta metodologia permite mudanças graduais nas covariâncias entre idades ao longo do tempo e é possível prever variâncias e covariâncias em pontos contidos ao longo da trajetória estudada (Tholon & Queiroz, 2009). Assim, consideram-se as correlações na análise e assume-se determinada estrutura para as correlações (Sarmiento et al., 2008).

A utilização de modelos de regressão aleatória permite modelar as variâncias residuais utilizando estruturas homogêneas ou heterogêneas. A

utilização de homogeneidade de variâncias pode ser parcimoniosa; entretanto, considera-se que a medida do erro afeta igualmente todos os registros e que, aliada a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, podem superestimar as variâncias genéticas aditivas. Em contrapartida, a utilização de heterogeneidade de variâncias pode melhorar a partição da variância total, possibilitando melhor ajuste do modelo, contudo aumenta o número de parâmetros utilizados na regressão, o que dificulta a convergência na estimação dos componentes de variância. (Jamrozik & Schaeffer, 1997; Meyer, 2000, Tholon & Queiroz, 2009).

Modelos mais parcimoniosos têm sido propostos, com estruturas de variâncias residuais distintas e número reduzido de classes de variâncias, advindas do agrupamento de classes que contêm variações semelhantes ou por meio de funções de variâncias residuais, com polinômios ortogonais de Legendre ou polinômios ordinários (Sarmiento, 2008; Sousa et al. 2008).

Através da utilização desses modelos é possível fazer a separação da variação da curva de crescimento fenotípica em seus diferentes efeitos genético aditivo e de ambiente permanente individual, mediante a determinação dos coeficientes de regressão aleatórios para esses diferentes efeitos. Além disto, não há necessidade de utilizar fatores de ajuste para a idade (Tholon & Queiroz, 2009).

Os modelos de regressão aleatória levam em consideração a forma da curva da característica que está sendo analisada e permitem modelar os desvios da cada animal em relação à curva média, que pode ser paramétrica ou não, e a estrutura de covariâncias é derivada do modelo de regressão escolhido (Tholon & Queiroz, 2009). Pode-se, então, utilizar polinômios ou outras funções lineares para modelar a média populacional (regressões fixas) e para cada indivíduo (regressões aleatórias). Nesses modelos, os efeitos aleatórios são funções contínuas, geralmente compostas por polinômios de Legendre, ortogonais e normalizados, conduzindo à melhor convergência e acurácia dos resultados (Kirkpatrick et al. 1990).

Segundo Kirkpatrick & Heckman (1989), a matriz K (matriz de coeficientes da função de covariâncias) pode ser utilizada para analisar padrões de herança. A partir desta, pode-se calcular os autovalores e as autofunções da função de covariâncias. As trajetórias descritas pelas

autofunções podem ser utilizadas na avaliação das idades nas quais a seleção poderia ser mais eficiente (Sakaguti et al., 2003) e representam as direções nas quais a trajetória média pode ser deformada (Albuquerque, 2004).

De acordo com Tholon & Queiroz (2009), os modelos de regressão aleatória otimizam a utilização de informações de pesagens, considerando a estrutura de covariâncias entre as idades abrangidas na avaliação e possibilitam a descrição dos componentes envolvidos no crescimento.

Possivelmente, o grande benefício da utilização de modelos de regressão aleatória seja estimar herdabilidades e valores genéticos em idades em que não haja informações dos animais, sem a necessidade de utilizar ajustes prévios, fornecendo informações sobre todo o período abrangido na análise (Tholon & Queiroz, 2009).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: Nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2004]. (CD-ROM).

ALBUQUERQUE, L.G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 84f. Tese (Livre-docente) – Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal.

ALBUQUERQUE, 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, n.11, p.776-2789, 2001.

AL-SAMARAI, F. R.; AL-KASSIE, G. A.; AL-NEDAWI, A. M.; AL-SOUDI; K. A. A. Prediction of total egg production from partial or cumulative egg production in a stock of white leghorn hens in Iraq. **International Journal of Poultry Science**, v.7, n.9, p.890-893, 2008.

ANANG, A.; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. Genetic and phenotypic parameters for monthly egg production on laying hens. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, v.117, n.6, p.407-415, 2000.

ANDERSON, S.; PEDERSEN, B. Growth and food intake curves for group-housed gilts and castrated male pigs. **Animal Science**, v.63, p.457-464, 1996.

AZEVEDO JR, P.C.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, A.B.; LOPES, P.S.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.;DUARTE, R.G.; TEIXEIRA, L.V. Comparação de metodologias para estimação de parâmetros genéticos em população de aves submetida à seleção. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.5, 2002.

BERRY, D.P.; BUCKEY, F.; DILLON, P.; EVANS, R.D.; RATH, M.; VEERKAMP, R.F. Genotype X environment interactions for body condition score, body weight and milk yield using random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier,[2002]. (CD-ROM).

BOARETTO, T.N. Melhoramento Genético em Frango de corte. **Revista Formação e Informação em Zootecnia**, n.1, v.1, p. 11-18, 2009.

BONAFÉ, C.M. **Avaliação o crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. 2008. 49f. Dissertação (Mestrado em Genética e melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. **Animal Science**, v.70, p.416-417, 2000.

BRUZUAL, J.J.; PEAK, S.D.; BRAKE, J; PEEBLES E.D. Effects of relative humidity during the last five days of incubation and brooding temperature on performance of broiler chicks from Young broiler breeders. **Poultry Science**, v.79, p.1385-1391, 2000.

CARDELLINO, R.A.; ROVIRA, J. Mejoramento genético animal. Montevideo. Hemisfério Sur, 1987. 253p.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MARTINEZ, M.L.; MACHADO, C.H.C.; PACKER, I.U. Estimation of genetic parameters for test day milk records of first lactation Gir cows in Brazil, using random regression. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

CUSTÓDIO, R.W.S. Obtenção de repetibilidades na produção de ovos e pintos de um dia em galinhas para corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.8, p.765-771, 1997.

EL FARO, L. **Estimação de componentes de (co)variância para produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Caracu, aplicando-se “test-day models” de dimensão finita e modelos de regressão aleatória.** 2002.102f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/ Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

FALCONER, D. S. Introduction to quantitative genetics. 3.ed. Harlow: Longman, 1987. 428p.

FIALHO, F. B.; LEDUR, M. C. Segmented polynomial model for estimation of egg production curves in laying hens. **Brazilian Poultry Science**, n. 38, v. 1, p. 66-73, 1997.

FIUZA, M.A.; LARA, L.J.C.; AGUILAR, C.A.L.; RIBEIRO, B.R.C.; BAIÃO, N.C. Efeitos das condições ambientais no período entre a postura e o armazenamento de ovos de matrizes pesadas sobre o rendimento de incubação. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.3, p. 408-413, 2006.

GROSSMAN, M.; GROSSMAN, T. N.; KOOPS, W. J. A model for persistency of egg production. *Poult. Sci*, v. 79, n. 12, p. 1715-1724, 2000.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. Bayesian comparison of random regression models for test-day yields in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON

GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**. v.80, p.1217-1226, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.

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

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.

KIRKPATRICK, M.; HILL, W.G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetics Research**, v.64, p.57-69, 1994.

LARA, L.J.C.; BAIÃO, N.C.; CANÇADO, S.V.; TEIXEIRA, J.L.; LÓPEZ, C.A.A.; DUARTE, F.D.; MICHALSKY, V.B. Influência do peso inicial sobre o desempenho e o rendimento de carcaça e cortes de frangos de corte. **Arquivo Brasileiro de medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.6, p.799-804, 2005.

LAWLOR, T.J.; TSURUTA, S.; KLET, I.; MISZTAL, I. Use of random regression model to investigate changes in genetic parameters over time. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

LEANDRO, N.S.M.; CUNHA, W.C.P.; STRINGHINI, J.H.; CRUZ, C.P.; CAFÉ, M.B.; MATOS, M.S. Influência do peso inicial de pintos de corte sobre o desempenho e o rendimento de carcaça de frangos e viabilidade econômica da produção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2314-2321, 2006.

LEDUR, M. C.; SCHMIDT, G. S.; FIGUEIREDO, E. A. P.; AVILA, V. S.; BALEN, L. Parâmetros genéticos e fenotípicos para características produtivas em linhagens de poedeiras de ovos brancos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28; n.9, p.1031-1037, 1993.

LEDUR, M.C. SCHMIDT, G.S.; AVILA, V.S. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso corporal em diferentes idades em linhagens de frango de corte. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.21, n.4, p.667-673, 1992.

LIN, C.Y.; TOGASHI, K. Simultaneous improvement of lactation milk and persistency. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

LUO, P. T.; YANG, R. Q.; YANG, N. Estimation of genetic parameters for cumulative egg numbers in a broiler dam line by using a random regression model. **Poultry Science.**, v.86, n.1, p.30, 2007.

McKAY, L.T.; SCHAEFFER, L.R.; McMILLAN, I. Analysis of growth curves in Rainbow trout using random regression. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

McLOUGHLIN, L.; GOUS, R.M. Efecto del tamaño del huevo en el crecimiento pre y post natal de pollitos de engorde. **Avicultura Profesional**, v.18, n.2, p.24-29, 2000.

MERCADANTE, M.E.Z. **Análise de um experimento de seleção para crescimento em bovinos Nelore: respostas direta no peso ao sobreano e correlacionadas no tamanho e reprodução das matrizes**. 2001. 106f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”/ Universidade de São Paulo, Piracicaba.

MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of field data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, v.33, p.1-28, 2001.

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

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. *Genetics Selection. Evolution.*, v.30, p.221-240, 1998.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or ‘repeated’ records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.

NOBRE, P.R.C.; MISZATAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J.K.; SILVA, L.O.C.; LOPEZ, P.S. Genetic evaluation of growth in beef cattle with random

regression model. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

OLORI, V.H. **Utilisation of daily milk records in genetic evaluation of dairy cattle**. University of Edinburgh. 1997. 230f. Tese (PhD), University of Edinburgh, Edinburg.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 3.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2001. 555p.

PIRES, A. V.; CARNEIRO, P. L. S.; FILHO, R. A. T.; FONSECA, R.; TORRES, R. A.; EUCLYDES, R. F.; LOPES, P. S.; BARBOSA, L. Estudo da divergência genética entre seis linhas de aves Legorne utilizando técnicas de análise multivariada. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.3, p.314-319, 2002.

ROCHA, J.S.R.; LARA, L.J.C.; BAIÃO, N.C.; CANÇADO, S.V.; BAIÃO L.E.C; SILVA; T.R. Efeito da classificação dos ovos sobre o rendimento de incubação e os pesos do pinto e do saco vitelino. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.4, p.979-986, 2008.

RUTZ, F.; ANCIUTI, M.A.; XAVIER, E.G.; ROLL, V.F.B.; ROSSI, P. Avanços na fisiologia e desempenho reprodutivo de aves doméstica. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, v.31, n.3, p.307-317, 2007.

SAKAGUTI, E. S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L.; MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; SILVA, L.O.C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864-874, 2003.

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

SANTOS, A.I.; RESENDE, R.O., GEORG, P.C., PAIVA, E. SAKAGUTI, E.S., MARTINS, E.N. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para a produção de ovos em codornas japonesas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2003]. (CD-ROM).

SARMENTO, J.L.R.; ALBUQUERQUE, L.G.; TORRES, R.A.; RODRIGUES, M.T.; LOPES, P.S.; REIS FILHO, J.C. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. **Revista Brasileira da Zootecnia**, v.37, n.10, p.1788-1796, 2008.

SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph, **Anais...**Guelph, 1994, v.17, p.443-446.

SCHENKEL, F.S.; DEVITT, C.J.B.; WILTON, J.W.; MILLER, S.P.; JAMROZIK, J. Random regression analyses of feed intake of individually tested beef steers. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

SOUSA, J.E.R.; SILVA, M.A.S.; SARMENTO, J.L.R.; SOUSA, W.H.; SOUZA, M.S.M.; FRIDRICH, A.B. Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória sobre o crescimento de caprinos Anglo-Nubianos. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.43, n.12, p.1725-1732, 2008.

SZWACZKOWSKI, T.; WOLC, A.; LISOWSKI, M. Genetic evaluation in laying hens based on fixed and random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte, MG, **World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**.

SZWACZKOWSKI, T. Use of Mixed Model Methodology in Poultry Breeding: Estimation of Genetic Parameters. In: MUIR, W. M., AGGREY, S. E. **Poultry Genetics, breeding and biotechnology**, Wallingford: CABI, 2003, p.165-202.

THOLON, P.; QUEIROZ, S.A. Modelos matemáticos utilizados para descrever curvas de crescimento em aves aplicados ao melhoramento genético animal. **Ciência Rural**, v.39, n.7, p.2261-2269, 2009.

TOGASHI, K.; LIN, C.Y. Optimal strategy to modify the shape of the lactation curves. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

TONA, K.; BAMELIS, F.; COUCKE, W. et al. Relationship between broiler breeder's age and egg weight loss and embryonic mortality during incubation in large-scale conditions. **Journal Applied Poultry Research**, v.10, p.221-227, 2001.

TSURUTA, S.; MISZTAL, I.;LAWLOR, T.J.; KLEI, L. Estimation of changes of genetic parameters over time for type traits in Holsteins using random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

TULLETT, S.C.; BURTON, F.G. Factors affecting the weight and water status of the chick at hatch. **British Poultry Science**, v.23, p.749-752, 1982.

VAN der WERF, J.; SCHAEFFER, L. Random Regression in Animal Breeding. Notas de aula, Ontario: University of Guelph , 1997, p.70.

VAN der WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**, v.81, p.3300-3308, 1998.

VARONA, L.; MORENO, C.; GARCÍA CORTÉS, L. A.; ALTARRIBA, J. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. **Livestock Production Science**, v.47, p.201-209, 1997.

VAYEGO, S.A.; DIONELLO, N.J.L.; FIGUEIREDO, E.A.P. Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.7, p.1230-1235, 2008.

VAYEGO, S.A. **Uso de Modelos Mistos na avaliação genética de linhagens de frango de corte**. 2007. 104f. Tese (Doutorado em Genética) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

VENTURINI, G. C. **Modelos de dimensão finita e infinita para a avaliação da produção de ovos em aves de postura**. 2009. 57f. Dissertação (mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal.

VIEIRA, S.L. Nutrição neonatal de aves: aspectos práticos, respostas metabólicas e desenvolvimento do sistema imune. In: SIMPÓSIO SOBRE ADITIVOS ALTERNATIVOS NA NUTRIÇÃO ANIMAL., 1., 2000, Campinas. **Anais...** Campinas: Colégio Brasileiro de Nutrição Animal, 2000. p.51-64.

VIEIRA, S.L.; MORAN Jr., E.T. Effects of egg of origin and chick post-hatch nutrition on broiler live performance and meat yields. **World's Poultry Science**, v.55, p.125-142, 1999.

WOLC, A.; BARCZAK, E.; WĘŻYK, S.; BADOWSKI, J.; BIELIŃSKA, H.; SZWACZKOWSKI, T. Genetic evaluation of production and reproduction traits in two selected lines of geese under multitrait animal model. **Animal Science Papers Reports**, v.26, n.1, p.71-78, 2008.

WOLC, A.; LISOWSKI, M.; SZWACZKOWSKI, T. Heritability of egg production in laying hens under cumulative, multitrait and repeated measurement animal models. Czech. **Journal of Animal Science**, v.52, n.8, p.254-259, 2007.

CAPÍTULO 1

AVALIAÇÃO DE PERÍODOS PARCIAIS DE PRODUÇÃO DE OVOS COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO EM UMA LINHA DE FRANGO DE CORTE

Resumo

Foram utilizados dados de 1.123 fêmeas de uma linha fêmea de frangos de corte, com o objetivo de estimar os coeficientes de herdabilidade para os períodos parciais e para o período total de produção de ovos, bem como os coeficientes de correlação entre os períodos parciais e o período total, a fim de verificar a possibilidade do uso do desempenho nos períodos parciais, em substituição ao período total, nas avaliações genéticas para uma linha fêmea de frango de corte. Os ovos de cada ave foram coletados entre a 25ª e a 64ª semana de idade das aves e as características avaliadas foram as produções de ovos em quatro períodos parciais sendo eles da 25ª até a 31ª (P31), da 25ª até a 40ª (P40), da 25ª até a 48ª (P48) e da 25ª até a 52ª (P52) semana de idade das aves. A produção total de ovos (PTOTAL) corresponde o período entre a 25ª até a 64ª semana de idade. A eficiência relativa das respostas correlacionadas do P40, P48 e P52 apresentou valores superiores a 1, indicando que a seleção pelas respostas correlacionadas seria um eficiente critério de seleção. O maior valor de herdabilidade (0,40) foi estimado no P40, no qual foi encontrado um valor de 0,70 para a correlação genética deste período com o PTOTAL. De acordo com essas estimativas, o período parcial da 25ª até a 40ª semana de idade pode ser recomendado, pois possibilita maior ganho por unidade de tempo como consequência da eficiência relativa e da redução do intervalo de geração.

Palavras-chave: análises bi-características, correlação genética, herdabilidade

CHAPTER 1

EVALUATION OF PARTIAL PERIODS OF EGGS PRODUCTION AS SELECTION CRITERIA IN A BROILER CHICKEN LINE

Abstract

It has used data from 1,123 females of a female broiler line, in order to estimate the heritability coefficients for the partial periods and the total period of egg production, as well as the correlation coefficients between the partial periods and total period, to verify the possibility of using the performance in partial periods, replacing the total period in genetic evaluations for a female broiler chicken line. Eggs from each bird was collected between the 25th and 64th weeks of birds age and the evaluated characteristics were the eggs production in four partial periods and they are 25th until the 31st (P31), 25th until the 40th (P40), 25th until the 48th (P48) and 25th to the 52nd (P52) week of age birds. The total egg production (PTOTAL) is the period between the 25th until the 64th week of age. The relative efficiency of the correlated responses of P40, P48 and P52 showed values higher than 1, indicating selection for correlated responses would be an efficient selection criterion. The highest heritability (0.40) was estimated at P40, which was found a value of 0.70 for genetic correlation of this period with the PTOTAL. According to these estimates, the partial period of 25th until the 40th week of age can be recommended, since it allows greater gain per time unit as a consequence of the relative efficiency and reducing the generation interval.

Keywords: genetic correlations, heritability, multi-trait analysis

INTRODUÇÃO

A produção de ovos é uma característica quantitativa, ou seja, sofre ação de muitos pares de genes e é altamente influenciada pelo ambiente. Alguns fatores como idade à maturidade sexual e persistência de postura, contribuem diretamente para a produção de ovos em seu primeiro ciclo (Venturini, 2009).

Para estudos da produção de ovos, dados de registros parciais são denominados longitudinais, ou seja, podem ser analisados por meio de modelos multi-características, no decorrer do tempo (Wolc et al., 2008).

Em uma análise multi-característica, o número de efeitos aleatórios preditos para cada animal é igual ao número de características, ou ao número de idades nas quais os animais foram medidos. Utilizando-se modelos multi-características, os efeitos de ambiente permanente não são separados do resíduo (Albuquerque, 2003).

Minvielle (1998), trabalhando com codornas, indicou valores de herdabilidade entre 0,32 e 0,39 para a produção de ovos, mostrando que se pode obter ganhos genéticos.

Segundo Anang et al. (2000) e Szwaczkowski (2003), as estimativas dos parâmetros genéticos apresenta-se bastante variável quando se avalia a produção parcial de ovos. Geralmente, são encontrados valores baixos de correlação genética entre os meses de produção de ovos. Estes autores concluíram em seus estudos, que a estimativa de herdabilidade é alta no primeiro mês de produção de ovos, como consequência da variação existente na idade ao primeiro ovo. Porém, a seleção baseada no primeiro mês de produção para melhorar a produção total de ovos não seria muito eficiente, devido à baixa correlação genética entre o primeiro mês e as produções seguintes.

Maiores ganhos genéticos podem ser obtidos através da seleção baseada no período total de ovos. Entretanto, o uso deste critério de seleção aumenta o intervalo de gerações e a reprodução e, a multiplicação das aves ocorre em uma idade em que as taxas de postura e fertilidade são bem reduzidas (Martins, 2002). Bohren (1970), trabalhando com poedeiras, observou que realizar a seleção baseada na produção parcial de ovos pode

aumentar o ganho genético na produção de ovos total, pela diminuição do intervalo de geração.

Considerando que através de respostas correlacionadas seria possível alcançar progressos mais rápidos, a utilização da Eficiência Relativa de seleção através do período parcial em relação ao período total de produção de ovos apresenta a vantagem da possibilidade de comparar o ganho genético em uma característica utilizando a resposta correlacionada em outra (Falconer, 1987).

Frequentemente utilizam-se períodos que compreendem o início da maturidade sexual até a 40ª semana de idade para a avaliação da produção de ovos (Anang et al., 2000). Com isso, é possível selecionar as aves com base no seu desempenho parcial, com o intuito de aumentar a produção total de ovos (Ibe et al., 1982; Gowe & Fairfull, 1985; Poggenpoel et al., 1996). Se a seleção for realizada considerando as produções parciais de ovos, o intervalo de gerações por unidade de tempo poderá ser reduzido até pela metade (Silva et al., 1984). No entanto, deixam de ser considerados os efeitos dos genes que se expressam após o período de produção avaliado e que estão associados à persistência de postura, pausas e choco (Venturini, 2009).

As estimativas de parâmetros genéticos são de grande importância nas análises de características como a produção de ovos, pois permitem avaliar os ganhos genéticos na população e a seleção das linhagens. A seleção de aves de postura com base no seu desempenho parcial tem o intuito de aumentar a produção total de ovos, que é fruto do aumento dos ganhos genéticos por geração (Venturini, 2009).

Com este trabalho objetivou-se estimar os coeficientes de herdabilidade para os períodos parciais e para o período total de produção de ovos, bem como os coeficientes de correlação entre os períodos parciais e o período total, a fim de verificar a possibilidade do uso do desempenho nos períodos parciais, em substituição ao período total, nas avaliações genéticas para uma linha fêmea de frango de corte.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de 1.123 fêmeas provenientes de uma linha reserva fêmea (C) de frangos de corte, cedidos por uma empresa localizada na região sul do país. As informações avaliadas são referentes ao período de janeiro de 2006 a dezembro de 2007.

As informações originais continham dados de 2.146 animais. Foram eliminados da análise 1.023 animais, dentre os quais foram eliminados, os animais com a produção incompleta, animais que produziram menos de 15 ovos até a 40ª semana de produção e também aqueles que produziram menos que 50 ovos no período total de produção.

A produção de ovos foi avaliada individualmente por meio do número de ovos colhidos, semanalmente, no período da 25ª até a 64ª semana de idade.

As características analisadas foram: produções de ovos em quatro períodos parciais, iniciando na 25ª semanas de idade até a 31ª (P31), 40ª (P40), 48ª (P48) e 52ª (P52) semana de idade, e o período de produção total (PTOTAL) foi constituído pela produção acumulada no período entre a 25ª a 64ª semana de idade.

Os componentes de variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita sob modelo animal bi-característica, usando o programa computacional REMLF90 (Mizstal, 2002). O modelo geral incluiu os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual e o efeito fixo de eclosão.

O modelo animal das análises bi-característica de cada período parcial com o período total é apresentado a seguir:

$$Y = X\beta + Za + e$$

Em que:

Y é o vetor dos registros de produção da produção se ovos;

β é o vetor dos efeitos fixos de eclosão;

a é o vetor dos efeitos aleatórios de valor genético;

X é a matriz de incidência associando elementos de β a Y ;
 Z é a matriz de incidência associando elementos de α a Y ; e
 ϵ é o vetor dos efeitos residuais.

Pressuposições: $E(Y) = X\beta$, $E(\alpha) = 0$, $E(\epsilon) = 0$, e:

$$V \begin{bmatrix} \alpha_1 \\ \alpha_2 \\ \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{\alpha_1}^2 & A\sigma_{\alpha_1, \alpha_2} & 0 & 0 \\ A\sigma_{\alpha_1, \alpha_2} & A\sigma_{\alpha_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{\epsilon_1}^2 & I\sigma_{\epsilon_1, \epsilon_2} \\ 0 & 0 & I\sigma_{\epsilon_1, \epsilon_2} & I\sigma_{\epsilon_2}^2 \end{bmatrix}$$

Onde:

A é a matriz de parentesco;

$\sigma_{\alpha_1}^2$, $\sigma_{\alpha_2}^2$, são as variâncias genéticas aditiva para as características 1 e 2, respectivamente;

$\sigma_{\alpha_1, \alpha_2}$ é a covariância genética aditiva entre as características 1 e 2;

I é uma matriz identidade;

$\sigma_{\epsilon_1}^2$, $\sigma_{\epsilon_2}^2$ são as variâncias ambientais para as características 1 e 2, respectivamente;

$\sigma_{\epsilon_1, \epsilon_2}$ é a covariância ambiental entre as características 1 e 2;

Foi calculada a eficiência relativa (ER) de seleção através do período parcial em relação à seleção pelo período total, segundo a fórmula descrita por Falconer (1987):

$$ER = \frac{h_{pp} \times r_g}{h_{pt}}$$

Em que:

h_{pp} é a raiz quadrada da herdabilidade do período parcial;

h_{pt} é a raiz quadrada da herdabilidade do período total;

r_g é a correlação genética entre o período parcial e total.

Se a razão for maior que 1,00, a resposta correlacionada é favorável e o ganho genético será maior que a seleção direta na outra característica.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de herdabilidade nos períodos parciais, e no período total; e os componentes de variância genética nos períodos parciais estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade (h^2) nos períodos parciais (P31, P40, P48 e P52), no período total (h^2 total) da produção de ovos; e componentes de variância genética dos períodos parciais (σ_a^2) e do período total de produção de ovos (σ_a^2 total) em uma linha de frango de corte, por meio de análise bi-características

Períodos de Produção (semanas de idade)	h^2	h^2 total	σ_a^2	σ_a^2 total
P31 (25-31)	0,29	0,15	17,04	196,60
P40 (25-40)	0,40	0,17	88,45	219,90
P48 (25-48)	0,22	0,16	124,10	204,80
P52 (25-52)	0,22	0,16	126,20	201,30

As estimativas de variância genética para as produções nos períodos parciais (P31, P40, P48 e P52) foram aumentando no decorrer dos períodos parciais (Tabela 1). Como em cada análise bi-característica foram consideradas as características período parcial de produção X período total, para o período de produção total temos uma estimativa média de variância genética no período total de 205,65. Em que, esta o maior valor (219,90) é encontrado no P40.

A herdabilidade obtida para a produção de ovos nos períodos parciais e no período total foram baixas, sendo a exceção de P40 em que a herdabilidade foi de 0,40 (Tabela 1). No entanto, Minvielle (1998) reportou valores superiores, de 0,32 a 0,39. Os baixos valores de herdabilidade encontrados são comuns às características de reprodução (Santos et al., 2003). Besbes et al. (1991) trabalhando com poedeiras, encontraram valores de herdabilidade para característica de produção de ovos entre 0,09 e 0,27. De acordo com os autores, a produção de ovos é uma característica que possui herdabilidade de

baixa à moderada. Santos et al., (2003) afirmaram que os baixos valores de herdabilidade podem ser explicados pela pequena variabilidade genética, como consequência do manejo. Também atribuíram a diminuição das herdabilidades no decorrer dos períodos ao possível fato dos dados serem acumulados ao longo da vida produtiva, e conseqüentemente os efeitos da variação ambiental também fossem acumulados, resultando em um aumento proporcionalmente maior das variâncias residuais em relação ao aumento da variabilidade genética.

As estimativas de covariâncias genéticas entre os períodos parciais de produção e o período total e os coeficientes de correlação genética estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de covariâncias genéticas (σ_{a_1,a_2}) entre os períodos parciais (P31, P40, P48 e P52) e o período total, coeficientes de correlação genética (r_g) e eficiência relativa (ER) em uma linha de frango de corte, por meio de análises bi-características

	σ_{a_1,a_2}	r_g	ER
P31 (25-31 semanas)	16,62	0,29	0,40
P40 (25-40 semanas)	97,28	0,70	1,07
P48 (25-48 semanas)	139,70	0,88	1,03
P52 (25-52 semanas)	114,60	0,91	1,07

Pelo fato dos períodos parciais de produção de ovos serem acumulativos, notou-se o aumento na correlação genética e também nos valores de covariância dos períodos parciais com o período total (PTOTAL), à medida que o período parcial se aproxima do período total de produção de ovos. O coeficiente de correlação genética entre o P40 e o período total (PTOTAL) foi de 0,70 e pode ser considerado alto.

As seleções utilizando os períodos parciais P40, P48 e P52 são eficientes, uma vez que estes períodos parciais de produção apresentaram valores de ER maiores que 1,00. Segundo Falconer (1987), a eficiência na resposta correlacionada o processo de seleção depende da correlação genética e das herdabilidades das características, bem como do intervalo de geração. Sendo assim, a indicação da seleção pelo P40 reduziria o intervalo de geração.

Desta forma, pode ser indicada a seleção dos animais pelo seu período parcial, concordando com Silva et al. (1984), que consideraram a utilização de períodos parciais, que geralmente compreendem o início da maturidade sexual até as 40 semanas de idade e que a seleção das aves com base no seu desempenho parcial, diminuiria o intervalo de gerações aumentando o ganho genético por unidade de tempo.

CONCLUSÕES

A seleção pelo período parcial de produção de ovos é eficiente. E, de acordo com os valores das estimativas de herdabilidade e da correlação genética com o período de produção total, o período parcial da 25^a até a 40^a semana de idade pode ser recomendado, pois possibilita maior ganho por unidade de tempo como consequência da eficiência relativa e da redução do intervalo de geração.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça nelore**. 2003. 84f. Tese (Livre-docente) – Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal.

ANANG, A.; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. Genetic and phenotypic parameters for monthly egg production on laying hens. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, v.117, n.6, p.407-415, 2000.

BESBES, B.; DUCROCQ, V.; TAVERNIER, A. Estimation of genetic parameters of egg production traits of laying hens by restricted maximum likelihood applied to a multiple-trait reduced animal model. In: ANNUAL MEETING EUROPEAN ASSOCIATION OF ANIMAL PRODUCTION, 42., 1991, Berlin. **Anais...** Berlin: European Association of Production, p.9.

BOHREN, B.B. Genetic gains in annual egg production from selection on early part – records. **World's Poultry Science Journal**, v.26, n.3, p.647-657, 1970.

FALCONER, D. S. Introduction to quantitative genetics. 3. ed. Harlow: Longman, 1987. 428p.

GOWE, R.S.; FAIRFULL, R.W. The direct response for long-term selection for multiple traits in egg stocks and changes in genetic parameters with selection. In: HILL, W.G.; MANSON, J.H.; HEWITT, D. **Poultry genetics and breeding**. Edinburg: Longman; 1985. p.125-146.

IBE, S. N.; RUTLEDGE, J. J.; MCGIBBON, W. H. Curvilinear trends in direct and some correlated response to nineteen generation of selection for part record rate of egg production in a random bred line of chickens. **Poultry Science**, v.61, p.821-828, 1982.

MARTINS, E.N. Prospects of quail genetic breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON QUAIL PRODUCTION, 1., 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: Necta-DZO-Universidade Federal de Lavras, 2002. p. 205.

MISZTAL, I. [2002]. **REMLF90: Manual**. Disponível em: <ftp://nce.ads.uga.edu/pub/ignacy/blupf90/docs/remlf90.pdf> Acesso em: 18/01/2010.

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

POGGENPOEL, D. G.; FERREIRA, G. F.; HAYES, J. P.; DU PREEZ, J. J. Response to long-term selection for egg production in laying hens. **Braslian Poultry Science**, v.37, n.4, p.743-756, 1996.

SANTOS, A.I.; RESENDE, R.O., GEORG, P.C., PAIVA, E. SAKAGUTI, E.S., MARTINS, E.N. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para a produção de ovos em codornas japonesas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2003]. (CD-ROM).

SILVA, M.A.; EUCLYDES, R.F.; SOARES, P.R.; FONSECA, J.B. Análise genética de características de importância econômica em poedeiras leves. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia.**, v.13, n.1, p.82-94, 1984.

SZWACZKOWSKI, T. Use of mixed model methodology in poultry breeding: Estimation of Genetic Parameters. In: MUIR, W. M., AGGREY, S. E. **Poultry genetics, breeding and biotechnology**, Wallingford: CABI, 2003, p.165-202.

VENTURINI, G. C. **Modelos de dimensão finita e infinita para a avaliação da produção de ovos em aves de postura**. 2009. 57f. Dissertação (mestrado em zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal.

WOLC, A.; BARCZAK, E.; WĘŻYK, S. et al. Genetic evaluation of production and reproduction traits in two selected lines of geese under multitrait animal model. **Animal Science Papers Reports**, v.26, n.1, p.71-78, 2008.

CAPÍTULO 2

AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE OVOS EM UMA LINHA DE FRANGO DE CORTE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo

Dados de 1.742 aves foram utilizados com o objetivo de comparar modelos de regressão aleatória, com diferentes ordens nos polinômios de Legendre, para avaliar qual dentre modelos avaliados promove o melhor ajuste para a produção de ovos, e a partir do modelo que promover o melhor ajuste, obter as herdabilidades, variâncias e correlações da produção de ovos. O modelo com função polinomial de Legendre de ordem três para os efeitos fixos e de ordem quatro para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal promoveu um melhor ajuste na produção de ovos. Para este modelo, o teste da razão da verossimilhança (LRT) indicou diferença ($P < 0,01$) e foram encontrados melhores valores para o logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$), para o critério de informação de Akaike (AIC) e para o critério de informação Bayesiano (BIC). O coeficiente linear explicou a maior proporção da variância para os efeitos incluídos no modelo. As variâncias genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas apresentaram oscilações associadas ao avançar da idade. As herdabilidades estimadas pelo modelo que promoveu o melhor ajuste foram de baixas a moderadas, onde o maior valor (0,28) foi encontrado próximo ao pico de produção e o menor valor (0,04) foi estimado na 40ª semana. As estimativas de correlação genética aditiva e de ambiente permanente foram bastante variáveis.

Palavras-chave: herdabilidade, regressão aleatória, variâncias

CHAPTER 2

EVALUATION OF EGGS PRODUCTION IN A BROILER LINE CHICKEN USING RANDOM REGRESSION MODELS

Abstract

Data of 1,742 birds were used in order to compare random regression models with different orders in the Legendre polynomials, to evaluate which of the models promotes better fit for eggs production, and from the model that promote the best fit, get the heritability, variances and correlations of egg production. The model with Legendre polynomial of order three for the fixed effects and the fourth order for the random additive genetic and permanent environment of animal promoted a better fit in egg production. For this model, the likelihood ratio test (LRT) indicates difference ($P < 0.01$) and it has found best values for the log-likelihood function ($\text{Log}_e L$), for the Akaike information criterion (AIC) and for Bayesian information criterion (BIC). The linear coefficient explained the greatest variance proportion for the variables included in the model. Genetic, permanent environmental and phenotypic variances has fluctuated according with advancing age. The estimated heritability for the model that promoted the best fit were low to moderate, where the highest value (0.28) was found near the peak of production and the lowest value (0.04) was estimated at 40th week. Estimates of additive genetic correlation and permanent environment varied widely.

Keywords: heritability, random regression, variances

INTRODUÇÃO

A procura por procedimentos, métodos e modelos que possam aumentar a acurácia das avaliações de animais constitui permanente desafio dos pesquisadores. Para a avaliação de características de importância econômica, que se expressam nos indivíduos ao longo do tempo, como a produção de ovos, têm-se utilizado modelos de regressão aleatória (Silva et al., 2008; Venturini, 2009).

Para melhor avaliação dos parâmetros genéticos, os modelos de regressão aleatória têm sido propostos para estudar dados longitudinais. Inicialmente, estes modelos foram propostos para análise da produção de leite no dia do controle, em bovinos (Ptak & Schaeffer, 1993), em seguida foram estendidos para as demais características.

Nos modelos de regressão aleatória, as matrizes de covariância são altamente estruturadas, ou seja, obedecem à uma ordem (Van Der Werf & Schaeffer, 1997). Características como produção de leite ou de ovos e de crescimento, têm correlações entre as medidas que diminuem quando o espaço de tempo entre estas aumenta (Schmidt et al., 1996; Luo et al., 2007).

As funções de covariância que foram propostas por Kirkpatrick et al. (1990), podem ser obtidas a partir das matrizes de variância e covariância entre as n medidas dos modelos de dimensão finita ou por meio das matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão, estimadas pelo modelo de regressão aleatória (Van Der Werf & Schaeffer, 1997; Meyer, 1998).

Os efeitos genéticos e ambientais de cada indivíduo são os resultados dos desvios da trajetória de produção de um animal em relação à produção média do grupo de animais (curva fixa da população) (Sakaguti et al., 2002). As trajetórias fixas e aleatórias podem ser modeladas por meio de funções paramétricas, pelos polinômios ordinários ou pelos polinômios ortogonais de Legendre. Segundo Schaeffer (2004), estes últimos têm sido os mais usados, porque produzem menores correlações entre os coeficientes de regressão e, além disso, proporcionam estimativas das matrizes de covariâncias que tendem a ser mais robustas.

Os modelos de regressão aleatória são de grande importância nas avaliações genéticas das aves de postura, pois permitem a seleção baseada na persistência individual de postura. Para o estudo da produção de ovos em poedeiras, Fialho & Ledur (1997) aplicaram um modelo de regressão com polinômios segmentados. Com isso, obtiveram um melhor ajuste dos dados e um maior poder de predição da produção, com parâmetros de fácil interpretação prática. Esse procedimento facilitou a comparação da produção de ovos de diferentes grupos de poedeiras ou matrizes reprodutoras.

No estudo de Szwaczkowski et al. (2006), que aplicaram modelos de regressão aleatória para a produção de ovos, os autores encontraram maiores estimativas de herdabilidade no início e final do período de produção. A mesma tendência já havia sido observada por Anang et al. (2002). Sendo assim, os autores concluíram que os modelos de regressão aleatória foram capazes de explicar a variação existente no decorrer do ciclo produtivo e que os modelos são recomendados para avaliação genética de aves de postura.

Luo et al. (2007) estudaram o número de ovos acumulados do início da maturidade sexual até 40 semanas de idade. Estes autores utilizaram polinômios de Legendre para modelar a curva de produção de ovos, em uma linhagem de frango de corte e encontraram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,16 a 0,54 para a primeira e a trigésima sétima semana de idade, respectivamente.

Os modelos de regressão aleatória, além de fornecer estimativas de herdabilidade pontuais, permitem a estimativa de parâmetros genéticos para períodos específicos da curva, economicamente importantes, ou para funções da curva de postura. A predição de valores genéticos para a persistência de postura é uma característica de grande impacto econômico, que deve ser considerada no processo da seleção (Venturini, 2009).

Objetivou-se com este trabalho comparar modelos de regressão aleatória, com diferentes ordens no polinômio de Legendre, para avaliar qual dos modelos avaliados promove o melhor ajuste para a produção de ovos, e a partir do modelo que promover o melhor ajuste, obter as herdabilidades, variâncias e correlações da produção de ovos em uma linha fêmea de frango de corte.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados neste estudo, dados de 1.742 fêmeas provenientes de uma linhagem fêmea ressrva (C) de frangos de corte, cedidos por uma empresa localizada na região sul do país. As informações avaliadas são referentes ao período janeiro de 2006 a dezembro de 2007. A característica estudada foi a produção semanal de ovos, avaliadas individualmente por meio do número de ovos obtidos da 25^a até a 64^a semana de idade das aves.

As informações originais continham dados de 2.146 animais. Foram eliminados da análise, os animais que produziram menos de 50 ovos até a 64^a semana de produção, aqueles que produziram menos que 35 ovos até 53^a semana, menos que 30 ovos até a 48^a semana, menos que 25 ovos até a 44^a semana e menos que 20 ovos até a 40^a semana. Totalizando 404 animais eliminados da análise.

A análise genética da produção de ovos utilizou o modelo animal em regressão aleatória utilizando o software Wombat (Meyer, 2007). O modelo proposto incluiu os efeitos fixos de eclosão, a trajetória média de produção (regressão fixa), e os efeitos aleatórios genético-aditivos (k_a), de ambiente permanente direto (k_e), além dos resíduos (e). Para modelar a trajetória fixa, foram utilizados os polinômios de Legendre de ordem três (efeito quadrático). As trajetórias aleatórias foram modeladas utilizando polinômios ortogonais de Legendre, variando as ordens dos ajustes de k_a e k_e de três (efeito quadrático) até quatro (efeito cúbico).

O modelo geral utilizado na avaliação da produção de ovos de uma linha de frango de corte é descrito a seguir:

$$Y_{ij} = F + \sum_{m=1}^3 \beta_m \varphi_m + \sum_{m=1}^{k_a} \alpha_{im} \varphi_m + \sum_{m=1}^{k_e} \rho_{im} \varphi_m + e_{ij}$$

Em que,

Y_{ij} é a produção de ovos na semana j do animal i ;

F refere-se aos efeitos fixo de eclosão;

β_m é o coeficiente de regressão fixo da produção sobre o polinômio de Legendre m representado por uma função quadrática para modelar a curva média de postura da população;

α_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para o animal i ;

K_a e K_c são as ordens de ajustes dos polinômios de Legendre correspondentes, as quais variaram de três e quatro, para averiguar a ordem mais apropriada para cada efeito aleatório;

ϕ_m é a função polinomial de Legendre da idade padronizada m ($-1 < \text{idade} < 1$); e

ε_{ij} denota o efeito aleatório residual.

A estrutura de variâncias residuais foi modelada considerando-se homogeneidade de variâncias, com base em análises prévias.

O modelo geral indicado anteriormente, com suas pressuposições, pode ser descrito na forma matricial da seguinte maneira:

$$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$$

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

Em que,

y é o vetor de N observações referentes a N_a animais;

b é o vetor que contém os efeitos fixos e os coeficientes β_m da regressão fixa;

a é o vetor $K_a \times N_D$ de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos, em que N_D denota o número total de animais na matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; c é o vetor $K_c \times N_d$ de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente de animal;

e é o vetor de erros aleatórios;

X , Z_1 e Z_2 , referem-se as matrizes de incidência dos coeficientes de regressão fixos e efeitos fixos, coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente. K_a e K_c são matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente;

A é a matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos;

I_{N_d} é a matriz identidade de dimensão N_d ;

$\otimes$ é o operador produto direto; R é a matriz diagonal de variâncias residuais, ou seja, $R = I\sigma_e^2$.

Foram testados três diferentes modelos. Em todos os modelos foram utilizados para modelar a trajetória fixa polinômios de ordem três, contudo foram utilizados polinômios de diferentes ordens para modelar as trajetórias aleatórias. Para o modelo 1, foram utilizados polinômios de Legendre de ordem quatro para modelar os efeitos aleatórios genético-aditivos (k_a) e os efeitos de ambiente permanente direto (k_c); Para o modelo 2 foram utilizadas diferentes ordens de polinômio sendo de ordem 4 para k_a e 3 para k_c . por sua vez, para o modelo 3 foram utilizados polinômios de ordem três para k_a e para k_c ; como representada no Quadro 1.

Quadro1. Modelos de regressão aleatória com suas respectivas ordens dos polinômios de Legendre para o ajuste da trajetória fixa e da trajetória aleatória

Modelo	Ordens dos Polinômios		
	Regressão Fixa	k_a	k_c
1	3	4	4
2	3	4	3
3	3	3	3

Para testar a diferença entre os modelos estudados e assim escolher o melhor modelo, foram feitas comparações usando o critério de informação de

Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) (Nuñez-Antón & Zimmerman, 2000), pelos valores de Logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$) e pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) ao nível de 1% de probabilidade.

$\text{Log}_e L$, AIC e BIC foram obtidos pelo software Wombat (Meyer, 2007). 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 será significativo e o modelo completo fornecerá melhor ajuste em relação ao modelo reduzido. A hipótese de nulidade testada foi de que os modelos: completo e reduzido não diferiram entre si.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O emprego dos modelos de regressão aleatória por meio de funções polinomiais de Legendre requer a definição da ordem mais apropriada para cada efeito aleatório considerada na análise, com o objetivo de determinar uma ordem mínima necessária para descrever as estruturas de (co)variâncias em função do tempo (Bonafé, 2008).

Os valores do Logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$), Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano (BIC), o número de parâmetros estimados (NP) e o teste da Razão da Verossimilhança (LRT) para os modelos estudados na avaliação da produção de ovos em uma linha fêmea reserva de frango de corte, estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Ordem do polinômio (OP) para efeitos genético aditivo (k_a) e de ambiente permanente (k_c); número de parâmetros (NP); Logaritmo da função de verossimilhança ($\text{Log}_e L$); Critério de Informação de Akaike (AIC); Critério de Informação Bayesiano (BIC); e Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) para os modelos estudados para avaliação da produção de ovos em uma linha fêmea de frango de corte

Modelo	OP		NP	$\text{Log}_e L^1$	AIC ¹	BIC ¹	CM ²	LRT
	k_a	k_c						
1	4	4	21	-53.116,843	106275,68	106464,456	(1-2)	97,206**
2	4	3	17	-53.165,446	106364,90	106517,704	(2-3)	2177,020**
3	3	3	13	-54.253,956	108533,92	108650,77	-	-

**significativo a 1% de probabilidade; ¹Valores expressos como desvio do melhor valor; ²CM – comparação dos modelos.

Os modelos de maiores ordens propiciaram valores maiores de $\text{Log}_e L$ e valores menores de AIC e BIC, o que indica que estes apresentam melhores ajustes.

Com base nos resultados observados pelo $\text{Log}_e L$, AIC e BIC, o modelo de maior ordem (modelo 1), com $k_a = 4$ para os efeitos genético-aditivos diretos e $k_c = 4$ para efeito de ambiente permanente de animal, propiciou melhor ajuste para a produção de ovos, apesar de ser o mais parametrizado. O Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) permite verificar se a diferença na quantidade

de parâmetros nos modelos foi significativa. Para os modelos avaliados, o teste indicou que os modelos diferiram estatisticamente entre si ($P < 0,01$), o que indica que maiores ordens para o ajuste dos efeitos citados proporcionaram melhorias.

Akbaş et al. (2004), trabalhando com ganho de peso em codornas, verificaram um melhor ajuste com um modelo de ordem seis.

As estimativas de (co)variância e correlações entre os coeficientes de regressão aleatória para o modelo 1, o modelo de melhor ajuste, para a produção de ovos estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e os autovalores da matriz dos coeficientes para o modelo 1 para a produção de ovos

1	2	3	4	Autovalor (%)
Efeito genético direto ($k_a=4$)				
0,248	-0,227	0,362	0,498	65,51
-0,067	0,353	-0,630	-0,755	23,62
0,078	-0,162	0,187	0,877	9,56
0,088	-0,159	0,134	0,125	1,30
Efeito de ambiente permanente de animal ($k_c=4$)				
1,484	0,598	-0,512	-0,423	71,64
0,716	0,967	0,006	-0,633	20,41
-0,339	0,003	0,296	0,201	5,53
-0,206	-0,249	0,044	0,160	2,43

Verificou-se que o coeficiente linear explicou a maior proporção da variância tanto para o efeito genético-aditivo direto, quanto para o efeito de ambiente permanente de animal para o modelo 1.

Os autovalores podem ser uma ferramenta importante na escolha da ordem do polinômio a ser utilizada (Foulley & Robert-Granié, 2002). Contudo, Legarra et al. (2004) chamam atenção ao fato de que a redução da dimensionalidade devido à eliminação de autovalores próximos de zero não é indicada em todos os casos, uma vez que, adotar esse critério, pode resultar em modelagem inadequada. Neste trabalho, os autovalores não foram utilizados como critério da escolha do modelo.

As variâncias genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas pelo modelo de melhor ajuste são apresentadas na Figura 1.

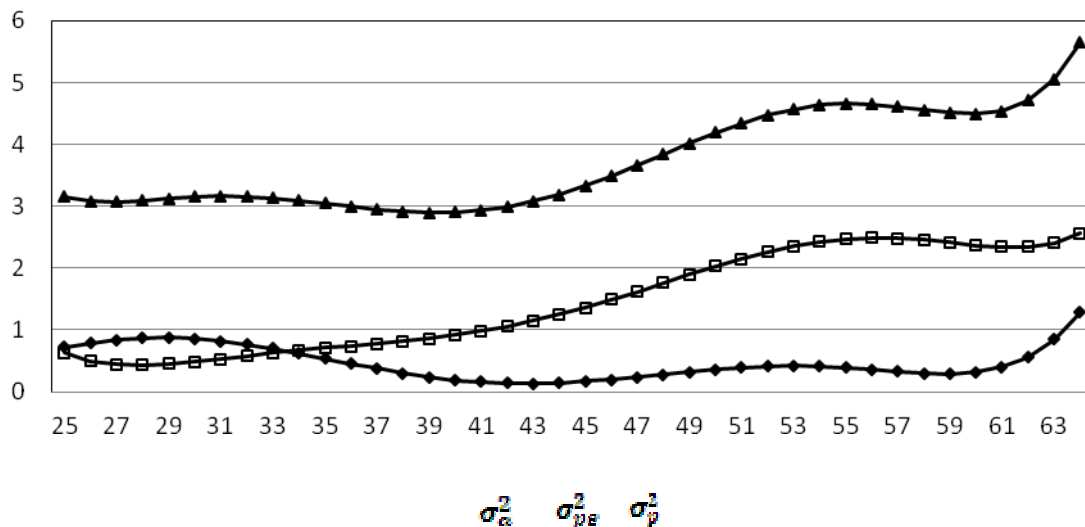


Figura 1. Representação gráfica das estimativas de variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pe}^2) e fenotípicas (σ_p^2) obtidas para o modelo de regressão aleatória de melhor ajuste (ordem quatro) da produção de ovos em uma linha fêmea de frango de corte.

As estimativas de variância aditiva variaram de 0,13 a 1,29, com oscilações associadas ao avançar da idade, da mesma forma que nos resultados apresentados por Dionello et al. (2006), na avaliação genética de linhagens de codornas de corte. As variâncias de ambiente permanente tiveram uma tendência cerscente, contudo também oscilaram ao longo do tempo, os valores variaram entre 0,43 e 2,56. Por sua vez, as estimativa de fenotípica também apresentou oscilação entre 2,90 e 5,95, ao longo de tempo, discordando do estudo de Akbaş et al. (2004), que relataram variâncias crescentes ao longo do tempo.

As estimativas de herdabilidade e da razão da variância de ambiente permanente pelo modelo de melhor ajuste são apresentadas na Figura 2.

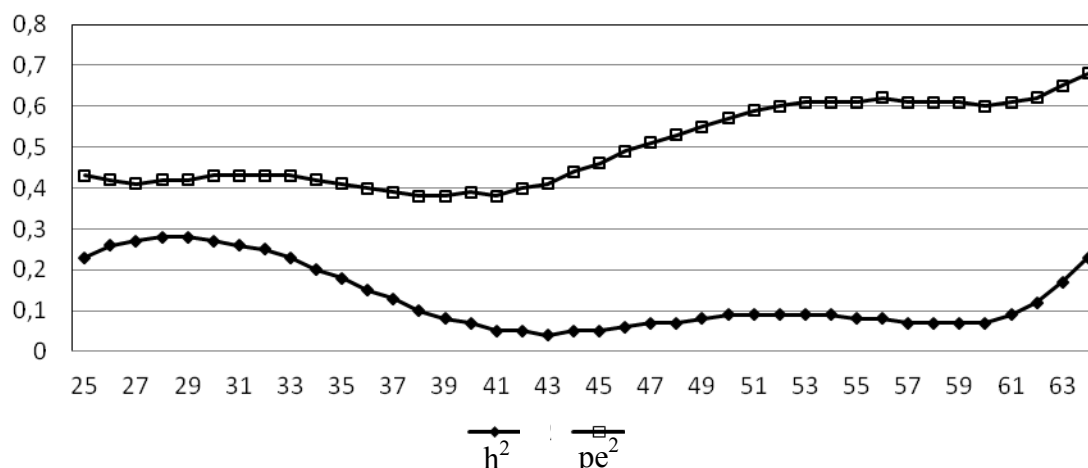


Figura 2. Representação gráfica das estimativas de herdabilidades (h^2) e da razão da variância de ambiente permanente (pe^2) para o modelo de regressão aleatória de melhor ajuste (ordem quatro) da produção de ovos em uma linha fêmea de frango de corte.

Os valores da razão da variância de ambiente permanente foram maiores nas últimas semanas de produção.

As herdabilidades estimadas foram de baixas a moderadas. Os maiores valores de herdabilidade (0,28), estimados pelo modelo de melhor ajuste, foram encontrados no início do período de produção de ovos na 28ª e 29ª semana de idade da matriz, próxima ao pico de produção. A partir dessa idade os valores de herdabilidade foram diminuindo com o passar do tempo. Venturini (2009) e Anang et al. (2001), que trabalharam com períodos parciais de produção de ovos em poedeiras comerciais, encontraram maiores valores de herdabilidades no início da produção. O menor valor de herdabilidade (0,04) foi encontrado na 43ª semana de idade da matriz. Pôde se observar também que a partir da 60ª semana de idade da matriz, os valores de herdabilidade voltaram a aumentar.

Tabela 3. Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e ambiente permanente (abaixo da diagonal) entre as idades estudadas, para o modelo 1

MODELO $k_a=4$ e $k_c=4$					
Semana	25	34	44	54	64
25		0,886	-0,158	-0,678	0,544
34	0,127		0,111	-0,585	0,651
44	-0,108	0,577		0,671	-0,049
54	-0,067	0,050	0,813		-0,250
64	-0,115	-0,151	0,234	0,579	

As idades apresentadas na Tabela 3 foram as idades usadas pelo software Wombat (Meyer, 2007). As correlações genéticas entre semanas de idade mais próximas tenderam a ser positivas, com exceção da correlação entre a 54^a e a 64^a semana, que apresenta uma correlação negativa.

As correlações de ambiente permanente entre as idades mais próximas, estimadas pelo modelo de melhor ajuste, tenderam a ser de moderadas a altas, com exceção da correlação entre a 35^a e a 34^a semana de idade da matriz.

CONCLUSÕES

O modelo com uma função polinomial de Legendre de ordem três para os efeitos fixos e de ordem quatro para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal promoveu um melhor ajuste na produção de ovos, podendo ser utilizada na avaliação desta característica em matrizes de frango de corte. As herdabilidades estimadas pelo modelo que promoveu o melhor ajuste foram de baixas a moderadas, enquanto as estimativas de correlação genética aditiva e de ambiente permanente foram bastante variáveis.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKBAŞ, Y.; TAKAMA, Ç.; YAYLAK, E. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.2, p.104-109, 2004.

ANANG, A.; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. Monthly model for genetic evaluation of laying hens II. Random regression. **Brazilian Poultry Science**, v.43, n.3, p.384-390, 2002.

ANANG, A.; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. Monthly model for genetic evaluation of laying hens 1. Fixed regression. **Brazilian Poultry Science**, v.42, n.2, p.191-196, 2001.

BONAFÉ, C.M. Avaliação o crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 2008. 49f. Dissertação (Mestrado em Genética e melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R.; SANTOS, G.G.; Carvalho, D.B. Efeitos maternos e permanentes na avaliação genética de linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA Sociedade Brasileira de Zootecnia, 43., 2006, João Pessoa. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Zootecnia/Gmosis, [2006]. (CD-ROM).

FIALHO, F. B., LEDUR, M. C. Segmented polynomial model for estimation of egg production curves in laying hens. **Brazilian Poultry Science**, v.1, n.38, p.66-73, 1997.

FOULLEY, J.L.; ROBERT-GRANIE, C. Heteroskedastic random coefficient models. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, [2002]. (CD-ROM).

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

LEGARRA, A.; MISZTAI, I.; BERTRAND, J.K. Constructing covariance functions for random regression models for growth in Gelbvieh beef cattle. **Journal Animal Science**, v.82, p.1564-1571, 2004.

LUO, P. T.; YANG, R. Q.; YANG, N. Estimation of genetic parameters for cumulative egg numbers in a broiler dam line by using a random regression model. **Poultry Science**, v.86, n.1, p.30-36, 2007.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, **Journal Zhejiang University Science**, v.8 p.815–821, 2007.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v.30, n.3, p.221-240, 1998.

NUÑEZ-ANTON, V.; ZIMMERMAN, D. L. Modeling nonstationary longitudinal data. **Biometrics**, v. 56, n. 3, p. 699-705, 2000.

PTAK, E.; SCHAEFFER, L. R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v.34, n.1, p.23-34, 1993.

SAKAGUTI, E. S.; SILVA, M. A.; MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, L. O. C.; QUAAS, R. L.; REGAZZI, A. J.; EUCLYDES, R. F.; DUARTE, R. G. Trajetória de crescimento e efeito da idade da vaca nos modelos de regressão aleatória de bovinos jovens da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.4, p.414-423, 2002.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, n.3, p.35-45, 2004.

SCHMIDT, G. S.; FIGUEIREDO, E. A. P.; MUNARI, D. P.; ROSA, P. S.; LEDUR, M. C. Frequência de muda natural e choco em aves selecionadas para a produção de ovos. In: CONFERÊNCIA APINCO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA AVÍCOLAS, Curitiba. **Anais...** Campinas:FACTA, 1996, v.1, p.82-82.

SILVA, M.A.; THIÉBAUT, J.T.L.; VALENTE, B.D.; TORRES, R.A.; FARIA, F.J.C. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. 1.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2008. p.322-332.

SZWACZKOWSKI, T.; WOLC, A.; LISOWSKI, M. Genetic evaluation in laying hens based on fixed and random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte, 2006.

VAN DER WERF, J.H.J.; SCHAEFFER, L.R. Random regression in animal breeding. Guelph: University of Guelph, 1997, p. 25-28.

VENTURINI, G. C. **Modelos de dimensão finita e infinita para a avaliação da produção de ovos em aves de postura.** 2009. 57f. Dissertação (mestrado em zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal.